

PCT/JP00/06840

日本国特許庁

02.10.00

PATENT OFFICE
JAPANESE GOVERNMENT

JP00/6840

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出願年月日
Date of Application:

1999年10月 1日

REC'D 17 NOV 2000

出願番号
Application Number:

平成11年特許願第280976号

WIPO PCT

出願人
Applicant(s):

協和醗酵工業株式会社
野島 博

4

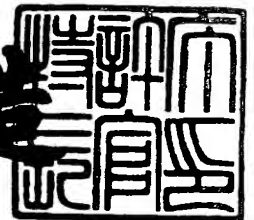
PRIORITY
DOCUMENT

SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

2000年11月 6日

特許庁長官
Commissioner,
Patent Office

及川耕造



出証番号 出証特2000-3089932

【書類名】 特許願
 【整理番号】 H11-0701J2
 【提出日】 平成11年10月 1日
 【あて先】 特許庁長官 殿
 【国際特許分類】 C12N 15/00

C12N 15/12
 C07K 14/435
 C07K 16/18
 A61K 38/00
 A61K 39/00

【発明者】

【住所又は居所】 大阪府豊中市西緑丘一丁目4-27-123

【氏名】 野島 博

【発明者】

【住所又は居所】 東京都町田市旭町3丁目6番6号 協和醗酵工業株式会
 社 東京研究所内

【氏名】 吉末 元

【発明者】

【住所又は居所】 東京都町田市旭町3丁目6番6号 協和醗酵工業株式会
 社 東京研究所内

【氏名】 川端 彩子

【発明者】

【住所又は居所】 東京都町田市旭町3丁目6番6号 協和醗酵工業株式会
 社 東京研究所内

【氏名】 桜田 一洋

【発明者】

【住所又は居所】 山口県防府市協和町1番1号 協和醗酵工業株式会社
 技術研究所内

【氏名】 久我 哲郎

【発明者】

【住所又は居所】 東京都町田市旭町 3 丁目 6 番 6 号 協和醗酵工業株式会社 東京研究所内

【氏名】 関根 進

【特許出願人】

【識別番号】 000001029

【氏名又は名称】 協和醗酵工業株式会社

【代表者】 平田 正

【特許出願人】

【住所又は居所】 大阪府豊中市西緑丘一丁目 4 - 2 7 - 1 2 3

【氏名又は名称】 野島 博

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 008187

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【ブルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 ずり応力応答性DNA

【特許請求の範囲】

【請求項 1】 配列番号 1 4 3、1 4 5、1 4 7、1 4 9、1 5 1、1 5 3、1 5 5 および 1 5 7 で表される塩基配列から選ばれる塩基配列を有するDNA。

【請求項 2】 配列番号 1 4 3、1 4 5、1 4 9、1 5 1、1 5 3、1 5 5 または 1 5 7 で表される塩基配列を有するDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするずり応力応答性DNA。

【請求項 3】 配列番号 1 4 7 で表される塩基配列を有するDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズしかつ該DNAと90%以上の相同性を有するずり応力応答性DNA。

【請求項 4】 配列番号 1 4 3、1 4 5、1 4 7、1 4 9、1 5 3、1 5 5 および 1 5 7 で表わされる塩基配列から選ばれる塩基配列中の連続した5～60塩基と同じ配列を有するDNAまたは該DNAと相補的な配列を有するDNA。

【請求項 5】 請求項 1～4 のいずれか1項に記載のDNAを用いてずり応力応答性遺伝子のmRNAを検出する方法。

【請求項 6】 請求項 1～4 のいずれか1項に記載のDNAを含有する、動脈硬化を原因とする血管病の診断薬。

【請求項 7】 請求項 1～4 のいずれか1項に記載のDNAを用いて動脈硬化の原因遺伝子を検出する方法。

【請求項 8】 請求項 1～4 のいずれか1項に記載のDNAを用いてずり応力応答性遺伝子の転写もしくは翻訳を抑制または促進する物質をスクリーニングする方法。

【請求項 9】 請求項 1～4 のいずれか1項に記載のDNAを用いて動脈硬化を原因とする血管病の治療薬をスクリーニングする方法。

【請求項 10】 請求項 1～4 のいずれか1項に記載のDNAを含有する、動脈硬化を原因とする血管病の治療薬。

【請求項 11】 請求項 1～4 のいずれか1項に記載のDNAを含む組換えウイルスベクター。

【請求項 12】請求項 1～4のいずれか1項に記載のDNAのセンス鎖と相同な配列からなるRNAを含む組換えウイルスベクター。

【請求項 13】配列番号 111、113、115、116、117、119、121、123、125、127、129、130、131、132、133、134、135、137、139および141で表される塩基配列から選ばれる塩基配列を有するDNA。

【請求項 14】請求項 13 記載のDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするずり応力応答性DNA。

【請求項 15】配列番号 111、113、115、116、117、119、121、123、125、127、129、130、131、132、133、134、135、137、139および141で表わされる塩基配列から選ばれる塩基配列中の連続した5～60塩基と同じ配列を有するDNAまたは該DNAと相補的な配列を有するDNA。

【請求項 16】請求項 13～15のいずれか1項に記載のDNAを含有する、動脈硬化を原因とする血管病の診断薬。

【請求項 17】請求項 13～15のいずれか1項に記載のDNAを用いる、動脈硬化の原因遺伝子を検出する方法。

【請求項 18】請求項 13～15のいずれか1項に記載のDNAを用いてずり応力応答性遺伝子の転写もしくは翻訳を抑制または促進する物質をスクリーニングする方法。

【請求項 19】請求項 13～15のいずれか1項に記載のDNAを用いて動脈硬化を原因とする血管病の治療薬をスクリーニングする方法。

【請求項 20】配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107および109で表される塩基配列から選ばれる塩基配列を有するDNAを用いて、ずり応力応答性遺伝子のmRNAを検出する方法。

【請求項 21】 配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107 および 109 で表される塩基配列から選ばれる塩基配列を有する DNA を含有する、動脈硬化を原因とする血管病の診断薬。

【請求項 22】 配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107 および 109 で表される塩基配列から選ばれる塩基配列を有する DNA を用いて、ずり応力応答性遺伝子の転写もしくは翻訳を抑制または促進する物質をスクリーニングする方法。

【請求項 23】 配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107 および 109 で表される塩基配列から選ばれる塩基配列を有する DNA を用いて、動脈硬化を原因とする血管病の治療薬をスクリーニングする方法。

【請求項 24】 配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107 および 109 で表される塩基配列から選ばれる塩基配列を有する DNA を含有する、動脈硬化を原因とする血管病の治療薬。

【請求項 25】配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107 および 109 で表される塩基配列から選ばれる塩基配列を有する DNA を含む組換えウイルスベクター。

【請求項 26】配列番号 1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107 および 109 で表される塩基配列から選ばれる塩基配列を有する DNA のセンス鎖と相同な配列からなる RNA を含む組換えウイルスベクター。

【請求項 27】配列番号 144、146、148、150、152、154、156 および 158 で表されるアミノ酸配列から選ばれるアミノ酸配列を有する蛋白質。

【請求項 28】請求項 27 記載の蛋白質の有するアミノ酸配列とは 1 もしくは数個のアミノ酸が欠失、置換または付加したアミノ酸配列からなり、かつ動脈硬化病変の形成に参与する活性を有する蛋白質。

【請求項 29】請求項 27 または 28 記載の蛋白質をコードする DNA。

【請求項 30】請求項 1～4 および 29 のいずれか 1 項記載の DNA をベクターに組み込んで得られる組換え体 DNA。

【請求項 31】請求項 30 記載の組換え体 DNA を宿主細胞に導入して得られる形質転換体。

【請求項 32】請求項 31 記載の形質転換体を培地に培養し、培養液中に請求項 27 または 28 記載の蛋白質を生成蓄積させ、該培養物から該蛋白質を採取することを特徴とする蛋白質の製造方法。

【請求項 33】請求項 31 記載の形質転換体を培地に培養し、該培養物を用

いて動脈硬化を原因とする血管病の治療薬をスクリーニングする方法。

【請求項 34】 請求項 27 または 28 記載の蛋白質を用いて、動脈硬化を原因とする血管病の治療薬をスクリーニングする方法。

【請求項 35】 請求項 27 または 28 記載の蛋白質を生産する組換えウイルスベクター。

【請求項 36】 請求項 35 記載の組換えウイルスベクターを含有する、動脈硬化を原因とする血管病の治療薬。

【請求項 37】 請求項 27 または 28 記載の蛋白質を認識する抗体。

【請求項 38】 請求項 37 記載の抗体を用いる請求項 27 または 28 記載の蛋白質の免疫学的検出方法。

【請求項 39】 請求項 37 記載の抗体を用いて、動脈硬化を原因とする血管病の治療薬をスクリーニングする方法。

【請求項 40】 請求項 37 記載の抗体を用いて、ずり応力応答性遺伝子の転写もしくは翻訳を抑制または促進する物質をスクリーニングする方法。

【請求項 41】 請求項 37 記載の抗体を含有する、動脈硬化を原因とする血管病の診断薬。

【請求項 42】 請求項 37 記載の抗体を含有する、動脈硬化を原因とする血管病の治療薬。

【請求項 43】 請求項 37 記載の抗体と放射性同位元素、蛋白質または低分子の薬剤とを結合させた融合抗体を動脈硬化巣へ誘導するドラッグデリバリー法。

【請求項 44】 配列番号 112、114、118、120、122、124、126、128、136、138、140 または 142 で表されるアミノ酸配列を有する蛋白質を認識する抗体。

【請求項 45】 請求項 44 記載の抗体を用いて、動脈硬化を原因とする血管病の治療薬をスクリーニングする方法。

【請求項 46】 請求項 44 記載の抗体を用いて、ずり応力応答性遺伝子の転写もしくは翻訳を抑制する物質をスクリーニングする方法。

【請求項 47】 請求項 44 記載の抗体を含有する、動脈硬化を原因とする血

管病の診断薬。

【請求項 48】請求項 44 記載の抗体を含有する、動脈硬化を原因とする血管病の治療薬。

【請求項 49】請求項 44 記載の抗体と放射性同位元素、蛋白質または低分子の薬剤とを結合させた融合抗体を動脈硬化巣へ誘導するドラッグデリバリー法。

【請求項 50】配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108 および 110 で表されるアミノ酸配列からなる群から選ばれるアミノ酸配列を有する蛋白を生産する組換えウイルスベクター。

【請求項 51】請求項 50 記載の組換えウイルスベクターを含有する、動脈硬化を原因とする血管病の治療薬。

【請求項 52】配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108 または 110 で表されるアミノ酸配列を有する蛋白質を認識する抗体を用いて、動脈硬化を原因とする血管病の治療薬をスクリーニングする方法。

【請求項 53】配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108 または 110 で表されるアミノ酸配列を有する蛋白質を認識する抗体を用いて、ずり応力応答性遺伝子の転写もしくは翻訳を抑制または促進する物質をスクリーニングする

方法。

【請求項 54】配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108 または 110 で表されるアミノ酸配列を有する蛋白質を認識する抗体を含有する、動脈硬化を原因とする血管病の診断薬。

【請求項 55】配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108 または 110 で表されるアミノ酸配列を有する蛋白質を認識する抗体を含有する、動脈硬化を原因とする血管病の治療薬。

【請求項 56】配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108 または 110 で表されるアミノ酸配列を有する蛋白質を認識する抗体と放射性同位元素、蛋白質または低分子の薬剤とを結合させた融合抗体を動脈硬化巣へ誘導するドラッグデリバリー法。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、血管内皮細胞においてずり応力依存的に発現が上昇する mRNA に注目し、サブトラクション法を用いて取得した新規 DNA および該 DNA がコードする蛋白質に関する。また、該蛋白質に対する抗体、該蛋白質および該 DNA

の検出方法、ならびに動脈硬化を原因とする種々の血管病、例えば心不全、PTCA（経皮的経管的冠動脈形成術）後の再狭窄、高血圧などの疾患の診断および治療に関する。

【0002】

【従来の技術】

血管の内面を一層に覆う血管内皮細胞は、従来、血管内腔を流れる血液と組織とをへだてる単なる内張りと考えられてきた。しかし、近年の血管内皮に関する研究が進展した結果、内皮には生体にとって非常に重要な多彩な機能が備わっていることがわかってきた。それらの機能とは例えば、血液と組織間の物質透過性の調節、血管の緊張度の調節、抗血栓活性の維持、平滑筋増殖制御、組織修復、炎症反応、血管のリモデリングなどである。血流が血管壁に与える物理力のことをずり応力と呼び、血流速度と血液の粘性、および血管の径や形態によって規定される。ずり応力は血管壁の内面を覆っている内皮に働き、血管内皮細胞を血流の方向に歪ませる。この物理的刺激が、ホルモン、サイトカインなどの化学的刺激と同様、血管内皮細胞の形態や、上述したような様々な機能の調節に深く関与していることが、ここ約10年の研究で明らかになってきた〔細胞工学、16、950（1997）〕。

【0003】

粥状動脈硬化症は日本を含む先進工業国において、成人死因の主要な原因の一つである。高コレステロール血症、高ホモシステイン血症、糖尿病などの原因で起こる血管の機能不全は粥状動脈硬化の発症ならび病態の悪化と深く関係していることが知られている〔Molecular Cardiovascular Medicine, 49-61（1995）〕。一方、動脈硬化巣は血管全体に均一に分布するのではなく、例えば血管の分岐部の曲がりの外側など特定の部位に局在することが知られている。

【0004】

このような局所性の発症は、血中コレステロールを遺伝的に増加させた実験動物でも観察されることから、血管内皮へのコレステロールの取り込みが血管内皮細胞の局所的な変化ならびにコレステロールの具体的な取り込みの2段階で起こると考えられている〔Arterioscler. Thr mb., 14, 133-140（1994）〕。この

ような局所的な発症の原因はほとんど明らかにされていない。しかし、初期病変がずり応力の強さや方向が非定常となっている場所即ち、ずり応力が低く、かつ流れの剥離や停滞あるいは渦などの乱流が起きやすい場所で多発することから、ずり応力などの血行力学が粥状動脈硬化症の発症に深く関係すると考えられている。現在、ずり応力がどのような分子機構で動脈硬化を局所的に惹起させるかは明らかではない。しかし、現在までに試験管内で培養した血管内皮細胞に機械的にずり応力を与えることで変動する遺伝子が探索され、ずり応力が AP (activator protein)-1、NF (nuclear factor)- κ B など種々の転写因子を活性化することにより、それらの転写因子の制御下にある遺伝子の発現が変化することが見い出されている。現在までにずり応力刺激に応答して発現が変動する遺伝子のコードする蛋白質として、PDGF (platelet-derived growth factor)、TGF (transforming growth factor)- β などの増殖因子、VCAM (vascular cell adhesion molecule)-1、ICAM (intercellular adhesion molecule)-1 などの接着因子、ET (endothelin)-1 などの緊張度調節因子、t-PA (tissue-type plasminogen activator) などの血液栓溶因子、NOS (nitric oxide synthase) 3, COX (cyclooxygenase) 2、SOD (superoxide dismutase) などの酵素などが報告されている [Molecular Medicine Today, 5, 40 (1999)]。このように、試験管内の再構成系において、ずり応力で応答する遺伝子には、少なくとも血管内の低ずり応力部位でずり応力の変化に伴い発現してくると考えられる動脈硬化誘導因子、ならびに血管内の構成的にずり応力の高い場所で動脈硬化の発症を抑制している分子の大きく二つの特性を持った分子が含まれると考えられる。しかし、ずり応力で発現が変動すると推定された遺伝子のなかで、具体的な遺伝子が同定されたものは一部にしかすぎない。動脈硬化の成因を理解し、予防法ならびに治療法を開発するにはずり応力で応答する未知の遺伝子を明らかにすることが必要である。近年、デファレンシャルディスプレイ法などを利用して、ずり応力で変動する未知の遺伝子の探索が行われたが、数倍

程度の変動では遺伝子の取得が難しいこと、偽陽性のクローンの割合が多い等の問題点がある〔Nucleic Acids Res., 23, 4520-4523 (1995)〕。そののためデフアレンシャルディスプレイ法により明らかにされたずり応力で変動する遺伝子の数は多くなかった〔Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 93, 10417-10422 (1996); Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 94, 9314-9319 (1997); Biochem. Biophys. Res. Comm., 225, 347-351 (1996); Biochem. Biophys. Res. Comm., 246, 881-887 (1998); US patent 5,834,248, (1998); US patent 5,849,578, (1998); US patent 5,882,925, (1999)〕。

【 0 0 0 5 】

【発明が解決しようとする課題】

血管内皮細胞がずり応力に应答する分子メカニズムを理解することは、動脈硬化を原因とする種々の血管病の発症機構ならび治療のターゲットを知ることにつながる。そのシグナル伝達機構を知るためには、血管内皮細胞においてずり応力刺激依存的に発現が変動するような遺伝子群を取得することが必要である。

【 0 0 0 6 】

【課題を解決するための手段】

本発明者らは上記問題点を解決すべく鋭意研究し以下の結果を得た。すなわち、ずり応力を負荷した培養血管内皮細胞由来の mRNA を鋳型として作製した cDNA ライブラリーを、ずり応力を負荷しない内皮細胞より抽出した mRNA で差し引くことにより、ずり応力負荷条件下で発現が上昇する遺伝子が濃縮されたサブトラクションライブラリーを構築した。該サブトラクションライブラリーは、発現量の低い遺伝子が均一化する現象ならび挿入断片のない空のベクターが増加することから、新たにリバースサブトラクション法を開発し、サブトラクションライブラリーからずり応力で変動する遺伝子を濃縮した第 2 世代のサブトラクションライブラリーを構築した。該第 2 世代のサブトラクションライブラリー中に存在するクローンについてランダムにノーザンハイブリダイゼーションを行い、ずり応力負荷により発現が上昇するクローンを多数取得した。該クローンの中にはすでにずり応力で変動することが知られている遺伝子に加えて、動脈硬化の悪性化ならびに予防に働くと推定される遺伝子、動脈硬化との関係が今まで知ら

れていなかった遺伝子、および新規遺伝子を見い出した。さらに該遺伝子がコードするペプチドを見出すことにより、本発明を完成させるに至った。

【0007】

すなわち、本発明は以下の(1)～(56)を提供するものである。

(1) 配列番号143、145、147、149、151、153、155および157で表される塩基配列から選ばれる塩基配列を有するDNA。

(2) 配列番号143、145、149、151、153、155または157で表される塩基配列を有するDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズするずり応力応答性DNA。

【0008】

(3) 配列番号147で表される塩基配列を有するDNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズしかつ該DNAと90%以上の相同性を有するずり応力応答性DNA。

(4) 配列番号143、145、147、149、153、155および157で表される塩基配列から選ばれる塩基配列中の連続した5～60塩基と同じ配列を有するDNAまたは該DNAと相補的な配列を有するDNA。

【0009】

(5) (1)～(4)のいずれかに記載のDNAを用いてずり応力応答性遺伝子のmRNAを検出する方法。

(6) (1)～(4)のいずれかに記載のDNAを含有する、動脈硬化を原因とする血管病の診断薬。

【0010】

(7) (1)～(4)のいずれかに記載のDNAを用いて動脈硬化の原因遺伝子を検出する方法。

(8) (1)～(4)のいずれかに記載のDNAを用いてずり応力応答性遺伝子の転写もしくは翻訳を抑制または促進する物質をスクリーニングする方法。

【0011】

(9) (1)～(4)のいずれかに記載のDNAを用いて動脈硬化を原因とする血管病の治療薬をスクリーニングする方法。

(10) (1) ~ (4) のいずれかに記載の DNA を含有する、動脈硬化を原因とする血管病の治療薬。

【0012】

(11) (1) ~ (4) のいずれかに記載の DNA を含む組換えウイルスベクター。

(12) (1) ~ (4) のいずれか1項に記載の DNA のセンス鎖と相同な配列からなる RNA を含む組換えウイルスベクター。

【0013】

(13) 配列番号 111、113、115、116、117、119、121、123、125、127、129、130、131、132、133、134、135、137、139 および 141 で表される塩基配列から選ばれる塩基配列を有する DNA。

【0014】

(14) (13) 記載の DNA とストリンジェントな条件下でハイブリダイズするずり応力応答性 DNA。

(15) 配列番号 111、113、115、116、117、119、121、123、125、127、129、130、131、132、133、134、135、137、139 および 141 で表わされる塩基配列から選ばれる塩基配列中の連続した 5 ~ 60 塩基と同じ配列を有する DNA または該 DNA と相補的な配列を有する DNA。

【0015】

(16) (13) ~ (15) のいずれかに記載の DNA を含有する、動脈硬化を原因とする血管病の診断薬。

(17) (13) ~ (15) のいずれかに記載の DNA を用いる、動脈硬化の原因遺伝子を検出する方法。

【0016】

(18) (13) ~ (15) のいずれかに記載の DNA を用いてずり応力応答性遺伝子の転写もしくは翻訳を抑制または促進する物質をスクリーニングする方法。

(19) (13) ~ (15) のいずれかに記載のDNAを用いて動脈硬化を原因とする血管病の治療薬をスクリーニングする方法。

【0017】

(20) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107および109で表される塩基配列から選ばれる塩基配列を有するDNAを用いて、ずり応力応答性遺伝子のmRNAを検出する方法。

【0018】

(21) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107および109で表される塩基配列から選ばれる塩基配列を有するDNAを含有する、動脈硬化を原因とする血管病の診断薬。

【0019】

(22) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、95、97、99、101、103、105、107および109で表される塩基配列から選ばれる塩基配列を有するDNAを用いて、ずり応力応答性遺伝子の転写もしくは翻訳を抑制または促進する物質をスクリーニングする方法。

【0020】

(23) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、

47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、
71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、
95、97、99、101、103、105、107および109で表される塩
基配列から選ばれる塩基配列を有するDNAを用いて、動脈硬化を原因とする血
管病の治療薬をスクリーニングする方法。

【0021】

(24) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、
23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、
47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、
71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、
95、97、99、101、103、105、107および109で表される塩
基配列から選ばれる塩基配列を有するDNAを含有する、動脈硬化を原因とする
血管病の治療薬。

【0022】

(25) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、
23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、
47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、
71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、
95、97、99、101、103、105、107および109で表される塩
基配列から選ばれる塩基配列を有するDNAを含む組換えウイルスベクター。

【0023】

(26) 配列番号1、3、5、7、9、11、13、15、17、19、21、
23、25、27、29、31、33、35、37、39、41、43、45、
47、49、51、53、55、57、59、61、63、65、67、69、
71、73、75、77、79、81、83、85、87、89、91、93、
95、97、99、101、103、105、107および109で表される塩
基配列から選ばれる塩基配列を有するDNAのセンス鎖と相同な配列からなるR
NAを含む組換えウイルスベクター。

【0024】

(27) 配列番号144、146、148、150、152、154、156および158で表されるアミノ酸配列から選ばれるアミノ酸配列を有する蛋白質。

(28) (27) 記載の蛋白質の有するアミノ酸配列とは1もしくは数個のアミノ酸が欠失、置換または付加したアミノ酸配列からなり、かつ動脈硬化病変の形成に関与する活性を有する蛋白質。

【0025】

(29) (27) または (28) 記載の蛋白質をコードするDNA。

(30) (1) ~ (4) および (29) のいずれか1つに記載のDNAをベクターに組み込んで得られる組換え体DNA。

(31) (30) 記載の組換え体DNAを宿主細胞に導入して得られる形質転換体。

【0026】

(32) (31) 記載の形質転換体を培地に培養し、培養液中に (27) または (28) 記載の蛋白質を生成蓄積させ、該培養物から該蛋白質を採取することを特徴とする蛋白質の製造方法。

(33) (31) 記載の形質転換体を培地に培養し、該培養物を用いて動脈硬化を原因とする血管病の治療薬をスクリーニングする方法。

【0027】

(34) (27) または (28) 記載の蛋白質を用いて、動脈硬化を原因とする血管病の治療薬をスクリーニングする方法。

(35) (27) または (28) 記載の蛋白質を生産する組換えウイルスベクター。

【0028】

(36) (35) 記載の組換えウイルスベクターを含有する、動脈硬化を原因とする血管病の治療薬。

(37) (27) または (28) 記載の蛋白質を認識する抗体。

(38) (37) 記載の抗体を用いる (27) または (28) 記載の蛋白質の免疫学的検出方法。

【0029】

(39) (37) 記載の抗体を用いて、動脈硬化を原因とする血管病の治療薬をスクリーニングする方法。

(40) (37) 記載の抗体を用いて、ずり応力応答性遺伝子の転写もしくは翻訳を抑制または促進する物質をスクリーニングする方法。

【0030】

(41) (37) 記載の抗体を含有する、動脈硬化を原因とする血管病の診断薬。

(42) (37) 記載の抗体を含有する、動脈硬化を原因とする血管病の治療薬。

【0031】

(43) (37) 記載の抗体と放射性同位元素、蛋白質または低分子の薬剤とを結合させた融合抗体を動脈硬化巣へ誘導するドラッグデリバリー法。

(44) 配列番号 112、114、118、120、122、124、126、128、136、138、140 または 142 で表されるアミノ酸配列を有する蛋白質を認識する抗体。

【0032】

(45) (44) 記載の抗体を用いて、動脈硬化を原因とする血管病の治療薬をスクリーニングする方法。

(46) (44) 記載の抗体を用いて、ずり応力応答性遺伝子の転写もしくは翻訳を抑制する物質をスクリーニングする方法。

【0033】

(47) (44) 記載の抗体を含有する、動脈硬化を原因とする血管病の診断薬。

(48) (44) 記載の抗体を含有する、動脈硬化を原因とする血管病の治療薬。

【0034】

(49) (44) 記載の抗体と放射性同位元素、蛋白質または低分子の薬剤とを結合させた融合抗体を動脈硬化巣へ誘導するドラッグデリバリー法。

(50) 配列番号 2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22

、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46
、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70
、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94
、96、98、100、102、104、106、108および110で表され
るアミノ酸配列からなる群から選ばれるアミノ酸配列を有する蛋白を生産する組
換えウイルスベクター。

【0035】

(51) (50) 記載の組換えウイルスベクターを含有する、動脈硬化を原因と
する血管病の治療薬。

(52) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22
、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46
、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70
、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94
、96、98、100、102、104、106、108または110で表され
るアミノ酸配列を有する蛋白質を認識する抗体を用いて、動脈硬化を原因とする
血管病の治療薬をスクリーニングする方法。

【0036】

(53) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22
、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46
、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70
、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94
、96、98、100、102、104、106、108または110で表され
るアミノ酸配列を有する蛋白質を認識する抗体を用いて、ずり応力応答性遺伝子
の転写もしくは翻訳を抑制または促進する物質をスクリーニングする方法。

【0037】

(54) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22
、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46
、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70
、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94

、96、98、100、102、104、106、108または110で表されるアミノ酸配列を有する蛋白質を認識する抗体を含有する、動脈硬化を原因とする血管病の診断薬。

【0038】

(55) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108または110で表されるアミノ酸配列を有する蛋白質を認識する抗体を含有する、動脈硬化を原因とする血管病の治療薬。

【0039】

(56) 配列番号2、4、6、8、10、12、14、16、18、20、22、24、26、28、30、32、34、36、38、40、42、44、46、48、50、52、54、56、58、60、62、64、66、68、70、72、74、76、78、80、82、84、86、88、90、92、94、96、98、100、102、104、106、108または110で表されるアミノ酸配列を有する蛋白質を認識する抗体と放射性同位元素、蛋白質または低分子の薬剤とを結合させた融合抗体を動脈硬化巣へ誘導するドラッグデリバリー法。

【0040】

本発明のDNAは動脈硬化に関連するずり応力応答性DNAであり、例えば、配列番号143、145、147、149、151、153、155および157で表される塩基配列から選ばれる塩基配列を有するDNA、および該DNAとストリンジェントな条件下でハイブリダイズし、かつずり応力の負荷に対して発現量に変化するDNAをあげることができる。

【0041】

上記の配列番号143、145、147、149、151、153、155および157で表される塩基配列から選ばれる塩基配列とストリンジェントな条件

下でハイブリダイズするDNAとは、配列番号143、145、147、149、151、153、155および157で表される塩基配列から選ばれる塩基配列を有するDNAをプローブとして、コロニー・ハイブリダイゼーション法、ブラーク・ハイブリダイゼーション法あるいはサザンブロットハイブリダイゼーション法等を用いることにより得られるDNAを意味し、具体的には、コロニーあるいはブラーク由来のDNAを固定化したフィルターを用いて、0.7~1.0 MのNaCl存在下、65℃でハイブリダイゼーションを行った後、0.1倍~2倍濃度のSSC溶液（1倍濃度のSSC溶液の組成は、150 mM塩化ナトリウム、15 mMクエン酸ナトリウムよりなる）を用い、65℃条件下でフィルターを洗浄することにより同定できるDNAをあげることができる。

【0042】

ハイブリダイゼーションは、Molecular Cloning, A Laboratory Manual, Second Edition, Cold Spring Harbor Laboratory Press (1989)（以下、モレキュラー・クローニング 第2版と略記する）、Current Protocols in Molecular Biology, John Wiley & Sons (1987-1997)（以下、カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジーと略記する）、DNA Cloning 1: Core Techniques, A Practical Approach, Second Edition, Oxford University (1995)等に記載されている方法に準じて行うことができる。ハイブリダイズ可能なDNAとして具体的には、配列番号143、145、147、149、151、153、155および157で表される塩基配列から選ばれる塩基配列と少なくとも60%以上の相同性を有するDNA、好ましくは80%以上の相同性を有するDNA、更に好ましくは95%以上の相同性を有するDNAをあげることができる。

【0043】

更に、本発明のDNAとして、本発明のDNAの一部の配列を有するオリゴヌクレオチドおよびアンチセンス・オリゴヌクレオチドも含まれる。該オリゴヌクレオチドとして、例えば、配列番号143、145、147、149、151、153、155および157で表される塩基配列から選ばれる塩基配列中の連続した5~60残基、好ましくは10~40残基の塩基配列と同じ配列を有するオリゴヌクレオチドをあげることができ、アンチセンス・オリゴヌクレオチドとし

て、例えば、該オリゴヌクレオチドのアンチセンス・オリゴヌクレオチドをあげることができる。

【0044】

本発明の蛋白質として、動脈硬化に関連する活性を有する蛋白質をあげることができ、具体的には、配列番号144、146、148、150、152、154、156および158で表されるアミノ酸配列から選ばれるアミノ酸配列を有する蛋白質、または該蛋白質の有するアミノ酸配列とは1若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加したアミノ酸配列からなり、かつ動脈硬化病変の形成に参与する活性を有する蛋白質をあげることができる。

【0045】

配列番号144、146、148、150、152、154、156および158で表されるアミノ酸配列から選ばれるアミノ酸配列を有する蛋白質のアミノ酸配列とは1若しくは数個のアミノ酸が欠失、置換若しくは付加したアミノ酸配列からなり、かつ動脈硬化病変の形成に参与する活性を有する蛋白質は、モレキュラー・クローニング 第2版、カレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー、Nucleic Acids Research, 10, 6487 (1982)、Proc. Natl. Acad. Sci., USA, 79, 6409(1982)、Gene, 34, 315 (1985)、Nucleic Acids Research, 13, 4431 (1985)、Proc. Natl. Acad. Sci USA, 82, 488 (1985)等に記載の方法に準じて調製することができる。

【0046】

【発明の実施の形態】

以下に本発明を詳細に説明する。本発明のDNAを調製するに際して用いられる細胞としては、ずり応力の負荷に対して応答性を示すものであれば特に限定されないが、接着系の細胞が好ましく、例えば血管内皮細胞があげられ、特に好ましくはヒト血管内皮細胞が例示される。さらに好ましくは、ヒトさい帯静脈血管内皮細胞(HUVEC)があげられる。この血管内皮細胞はヒトさい帯より、細胞、20、329(1988)またはHuman Cell、1、188(1988)に記載の方法に従って容易に分離できる。また、分離済みの2次培養細胞を入手し、利用することも可能である。血管内皮細胞の継代数は血管内皮細胞とし

ての性質を保持するものであれば良く、好ましくは20継代以内のものがあげられる。

【0047】

細胞の培養に用いる培養液は、通常の公知の組成に従えばよく、例えば、血管内皮細胞の場合には、ウシなどの動物の血清を0～20%添加した細胞培養用培地を用いることが好ましく、さらに好ましくはE-GM培地（2%ウシ胎児血清含有、倉敷紡績社製）あるいはM199培地にウシ胎児血清を20%添加したものが例示される。細胞の増殖を良くするために培養液中にECGS（Endothelial cell growth supplement）、EGF（Epidermal growth factor）、あるいはbasic FGF（Fibroblast growth factor）等の細胞増殖因子を添加してもよい。培地にデキストラン等を添加し、培養液の粘性を上昇させることにより、培養細胞に高いずり応力を負荷することもできる。

【0048】

ずり応力を負荷することができる培養装置としては、マイクロキャリア型 [Am. J. Physiol., 259, H804 (1990)]、回転円盤型 [Biorheology, 25, 461 (1988)]、平行平板型 [Biotechnol., Bioeng., 27, 1021 (1985)] 等が利用できる。

【0049】

ずり応力負荷において、血管内皮細胞の培養方法は特に限定されるものではないが、例えば、以下に示す方法が例示される。マイクロキャリアに血管内皮細胞を接着させ、スピナーフラスコ内で培地に懸濁する。培養温度は細胞が培養可能な温度であればいずれの温度でもよいが、37℃が好ましい。培養は、5%の二酸化炭素ガスを満たしたふ卵器内にて行なうことが好ましい。取得する細胞数は特に限定されないが、RNA抽出が可能な数であればよく、通常の培養で取得できる程度の方が例示され、好ましくは 1×10^6 個以上である。培養時間は特定されるものではないが、ずり応力を負荷していない培養時に比較して明らかに遺伝子発現が変化している培養時間が好ましい。特に細胞の生存状態が良い培養時間が好ましく、具体的には4時間以上24時間以内があげられる。

【0050】

ずり応力を負荷された血管内皮細胞からの全RNAの調製方法としては、チオシアン酸グアニジントリフルオロ酢酸セシウム法 [Methods in Enzymol., 154, 3 (1987)] 等をあげることができる。

全RNAからポリ(A)⁺RNAを調製する方法としては、オリゴ(dT)固定化セルロースカラム法(モレキュラー・クローニング 第2版)等をあげることができる。

【0051】

更に、ファースト・トラック・mRNA・アイソレーション・キット(Fast Track mRNA Isolation Kit; Invitrogen社製)、クイック・プレップ・mRNA・ピュリフィケーション・キット(Quick Prep mRNA Purification Kit; Amersham Pharmacia Biotech社製)等のキットを用いてmRNAを調製することもできる。

【0052】

以下にcDNAライブラリーの作製方法について述べる。cDNAライブラリー作製法としては、モレキュラー・クローニング 第2版やカレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジー、DNA Cloning 1: Core Techniques, A Practical Approach, Second Edition, Oxford University Press (1995)等に記載された方法、あるいは市販のキット、例えばスーパースクリプト・プラスミド・システム・フォー・cDNA・シンセシス・アンド・プラスミド・クローニング(SuperScript Plasmid System for cDNA Synthesis and Plasmid Cloning; Life Technologies社製)やザップーcDNA・シンセシス・キット(ZAP-cDNA Synthesis Kit; Stratagene社製)を用いる方法などがあげられる。

【0053】

cDNAライブラリーを作成するためのクローニングベクターとしては、大腸菌K12株中で自立複製できるものであれば、ファージベクター、プラスミドベ

クター等いずれでも使用できる。具体的には、ZAP Express [Stratagene社製、Strategies, 5, 58 (1992)]、pBluescript II SK(+) [Nucleic Acid Res., 17, 9494 (1989)]、 λ zap II (Stratagene社製)、 λ gt10、 λ gt11 [DNA Cloning, A Practical Approach, 1, 49 (1985)]、 λ BlueMid (Clontech社製)、 λ ExCell (Amersham Pharmacia Biotech社製)、pT7T318U (Amersham Pharmacia Biotech社製)、pcD2 [Mol. Cell. Biol., 3, 280 (1983)]、pUC18 [Gene, 33, 103 (1985)]等をあげることができる。

【0054】

cDNAを組み込んだベクターを導入する大腸菌としては、大腸菌に属する微生物であればいずれでも用いることができる。具体的には、Escherichia coli XL1-Blue MRF' [Stratagene社製、Strategies, 5, 81 (1992)]、Escherichia coli C600 [Genetics, 39, 440 (1954)]、Escherichia coli Y1088 [Science, 222, 778 (1983)]、Escherichia coli Y1090 [Science, 222, 778 (1983)]、Escherichia coli NM522 [J. Mol. Biol., 166, 1 (1983)]、Escherichia coli K802 [J. Mol. Biol., 16, 118 (1966)]、Escherichia coli JM105 [Gene, 38, 275 (1985)]等を用いることができる。

【0055】

このcDNAライブラリーはずり応力を負荷した血管内皮細胞の特徴を有していることから、生体内血管のずり応力変動部位に起こる病変、具体的には動脈硬化巣の形成等に関与する遺伝子のクローニング、該遺伝子の発現をコントロールすることによる医薬品開発等に有用である。また、このcDNAライブラリーは他の種の細胞、具体的にはずり応力の負荷していない静置培養した血管内皮細胞由来のmRNAを鋳型として作製したcDNAライブラリー等とは、その含有する遺伝子の種類や含有量が異なるため、その差を指標として前述の動脈硬化巣の形成に関与する遺伝子あるいはそれがコードする蛋白質を単離することが可能である。

【0056】

作製したcDNAライブラリーから、ずり応力負荷により発現が上昇する遺伝

子を濃縮する方法として、サブトラクション法 [Proc. Natl. Acad. Sci. U SA, 88, 2825 (1991)] やデファレンシャル・ハイブリダイゼーション法 [J. Biol. Chem., 265, 2973 (1990)] 等の方法を利用することができる。

【0057】

上記方法により遺伝子が濃縮されたサブトラクションライブラリーから、発現特異性、すなわちずり応力負荷により発現が上昇するクローンを選択する方法として、ノーザンハイブリダイゼーション法 [モレキュラー・クローニング 第2版]、RT (reverse-transcribed) -PCR法 [カレント・プロトコルズ・イン・モレキュラー・バイオロジー] などがあげられる。

【0058】

上記の方法で選択された、ずり応力応答性クローンに関して、通常用いられる塩基配列解析方法、例えばサンガー (Sanger) らのジデオキシ法 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 74, 5463 (1977)] あるいは373A・DNAシーケンサー (Perkin Elmer社製) 等の塩基配列分離装置を用いて分析することにより、該DNAの塩基配列を決定する。

【0059】

上記方法で決定された塩基配列の新規性は、blast等の相同性検索プログラムを用いて、Genbank、EMBLおよびDDBJなどの塩基配列データベースを検索することにより、データベース中の塩基配列と一致すると考えられるような明らかな同一性を示す塩基配列がないことにより確認できる。

【0060】

上述の方法で得られたDNAが、ずり応力関連mRNAに対応するcDNAの部分DNAであった場合には、上述の方法で得られたDNAをプローブとして、cDNAライブラリーから完全長cDNAを含むクローンを選択し直すことができる。

【0061】

cDNAライブラリーからのcDNAクローンの選択としては、アイソトープあるいはジゴキシゲニン (digoxigenin) 標識したプローブを用いたコロニー・ハイブリダイゼーション法あるいはプラーク・ハイブリダイゼーショ

ン法（モレキュラー・クローニング 第2版）により選択することができる。

【0062】

上記のようにして取得される、新規な塩基配列を有するずり応力応答性遺伝子の完全長 cDNA として、例えば、配列番号 143、145、147、149、151、153、155 および 157 で表される塩基配列を有する DNA 等をあげることができる。

【0063】

以上のようにして、一旦ずり応力関連遺伝子の完全長 cDNA が取得されその塩基配列が決定された後は、塩基配列に基づいたプライマーを調製し、mRNA から合成した cDNA あるいは cDNA ライブラリーを鋳型として、PCR 法 [PCR Protocols, Academic Press (1990)] により目的とする DNA を取得することができる。また、決定された DNA の塩基配列に基づいて、DNA 合成機で化学合成することにより目的とする DNA を調製することもできる。DNA 合成機としては、フォスフォアミダイト法を利用した Perkin Elmer 社製の DNA 合成機モデル 392 等をあげることができる。

【0064】

上記 DNA および DNA 断片の塩基配列情報により、常法あるいは DNA 合成機により、本発明の DNA の一部の配列を有するオリゴヌクレオチドおよびアンチセンス・オリゴヌクレオチドを調製することができる。

該オリゴヌクレオチドまたはアンチセンス・オリゴヌクレオチドとして、例えば、検出したい mRNA の一部の塩基配列において、5' 末端側の塩基配列に相当するセンスプライマー、3' 末端側の塩基配列に相当するアンチセンスプライマー等をあげることができる。ただし、mRNA においてウラシルに相当する塩基は、オリゴヌクレオチドプライマーにおいてはチミジンとなる。センスプライマーおよびアンチセンスプライマーとしては、両者の融解温度 (T_m) および塩基数が極端に変わることはないオリゴヌクレオチドで、10～40 塩基数のものが好ましい。

【0065】

また、本発明においては、該ヌクレオチドの誘導体も用いることができ、例え

ば、該ヌクレオチドのメチル体やフォスフォチオエート体をあげることができる。

以下に、動脈硬化病変の形成に関与する活性を有する蛋白質の製造法について述べる。

【0066】

上述の方法により取得したずり応力応答性遺伝子の cDNA は、動脈硬化病変の形成に関与する活性を有する蛋白質をコードしている。

動脈硬化の病変に関与する活性とは、動脈硬化の発症を惹起あるいは予防する活性を意味し、例えば、限定するものではないが、つぎのようなものをあげることができる。

【0067】

低密度リポ蛋白 (LDL) の血管内皮への取り込みの促進あるいは抑制、酸化 LDL の血管内皮への取り込みの促進と抑制、血管内皮細胞での LDL 受容体の発現上昇あるいは抑制、血管内皮細胞での酸化 LDL の産生の促進あるいは抑制、血管内皮でのスカベンジャー受容体の発現上昇あるいは抑制、血管へのリンパ球の浸潤の促進あるいは抑制、血管内皮細胞においてリンパ球の血管への浸潤を促進する細胞表面接着分子の発現上昇あるいは抑制、血管内皮細胞で生産される血管平滑筋の増殖と増殖抑制等の活性をあげることができる。

【0068】

完全長 cDNA をもとに、必要に応じて、該蛋白質をコードする部分を含む適当な長さの DNA 断片を調製する。

該 DNA 断片、あるいは完全長 cDNA を発現ベクター内のプロモーターの下流に挿入することにより、該蛋白質の発現プラスミドを造成する。

【0069】

該発現プラスミドを、該発現ベクターに適合した宿主細胞内に導入する。

宿主細胞としては、目的とする DNA を発現できるものは全て用いることができ、例えば、エシェリヒア (Escherichia) 属、セラチア (Serratia) 属、コリネバクテリウム (Corynebacterium) 属、ブレビバクテリウム (Brevibacterium) 属、シュードモナス (Pseudomonas) 属、バチルス (Bacillus) 属、ミクロバ

クテリウム (*Microbacterium*) 属等に属する細菌、クルイベロミセス (*Kluyveromyces*) 属、サッカロマイセス (*Saccharomyces*) 属、シゾサッカロマイセス (*Shizosaccharomyces*) 属、トリコスポロン (*Trichosporon*) 属、シワニオミセス (*Schawnniomyces*) 属等に属する酵母や動物細胞、昆虫細胞等を用いることができる。

【0070】

発現ベクターとしては、上記宿主細胞において自立複製可能ないしは染色体中への組込みが可能で、ずり応力応答性DNAを転写できる位置にプロモーターを含有しているものが用いられる。

細菌等を宿主細胞として用いる場合は、ずり応力応答性DNA発現ベクターは該細菌中で自立複製可能であると同時に、プロモーター、リボソーム結合配列、ずり応力応答性DNAおよび転写終結配列より構成された組換えベクターであることが好ましい。プロモーターを制御する遺伝子が含まれていてもよい。

【0071】

発現ベクターとしては、例えば、pBTrp2、pBTac1、pBTac2 (いずれもベーリンガーマンハイム社より市販)、pKK23 3-2 (Amersham Pharmacia Biotech社製)、pSE280 (Invitrogen社製)、pGEMEX-1 (Promega社製)、pQE-8 (QIAGEN社製)、pKYP10 [特開昭58-110600]、pKYP200 [Agricultural Biological Chemistry, 48, 669 (1984)]、pLSA1 [Agric. Biol. Chem., 53, 277 (1989)]、pGEL1 [Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A., 82, 4306 (1985)]、pBluescript II SK(-) (Stratagene社製)、pGEX (Amersham Pharmacia Biotech社製)、pET-3 (Novagen社製)、pTerm2(USP4686191、USP4939094、USP5160735)、pSupex、pUB110、pTP5、pC194、pEG400 [J. Bacteriol., 172, 2392 (1990)] 等を例示することができる。

【0072】

プロモーターとしては、宿主細胞中で発現できるものであればいかなるものでもよい。例えば、trpプロモーター (P_{trp})、lacプロモーター (P_{lac})、P_Lプロモーター、P_Rプロモーター、T7プロモーター等の大腸菌やファージ等に由来す

るプロモーター、SPO1プロモーター、SPO2プロモーター、penPプロモーター等をあげることができる。またPtrpを2つ直列させたプロモーター（Ptrpx2）、tacプロモーター、letIプロモーター〔Gene, 44, 29 (1986)〕、lacT7プロモーターのように人為的に設計改変されたプロモーター等も用いることができる。

【0073】

リボソーム結合配列としては、宿主細胞中で発現できるものであればいかなるものでもよいが、シャイン-ダルガノ（Shine-Dalgarno）配列と開始コドンとの間を適当な距離（例えば6～18塩基）に調節したプラスミドを用いることが好ましい。

【0074】

本発明のずり応力応答性DNAの蛋白質をコードする部分の塩基配列を、宿主の発現に最適なコドンとなるように、塩基を置換することにより、目的とする蛋白質の生産率を向上させることができる。

本発明のずり応力応答性DNAの発現には転写終結配列は必ずしも必要ではないが、好適には構造遺伝子直下に転写終結配列を配置することが望ましい。

【0075】

宿主細胞としては、エシェリヒア属、セラチア属、コリネバクテリウム属、ブレヴィバクテリウム属、シュードモナス属、バチルス属等に属する微生物、例えば、Escherichia coli XL1-Blue、Escherichia coli XL2-Blue、Escherichia coli DH1、Escherichia coli MC1000、Escherichia coli KY3276、Escherichia coli W1485、Escherichia coli JM109、Escherichia coli HB101、Escherichia coli No.49、Escherichia coli W3110、Escherichia coli NY49、Bacillus subtilis、Bacillus amyloliquefaciens、Brevibacterium ammoniagenes、Brevibacterium immariophilum ATCC14068、Brevibacterium saccharolyticum ATCC14066、Corynebacterium glutamicum ATCC13032、Corynebacterium glutamicum ATCC14067、Corynebacterium glutamicum ATCC13869、Corynebacterium acetoacidophilum ATCC13870、Microbacterium ammoniophilum ATCC15354、Pseudomonas sp. D-0110等をあげることができる。

【0076】

組換えベクターの導入方法としては、上記宿主細胞へDNAを導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、カルシウムイオンを用いる方法〔Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 69, 2110 (1972)〕、プロトプラスト法〔特開昭63-248394、またはGene, 17, 107 (1982)やMolecular & General Genetics, 168, 111 (1979)〕に記載の方法等をあげることができる。

【0077】

酵母を宿主細胞として用いる場合には、発現ベクターとして、例えば、YEp 13 (ATCC37115)、YEp 24 (ATCC37051)、YCp 50 (ATCC37419)、pHS 19、pHS 15等を例示することができる。

プロモーターとしては、酵母中で発現できるものであればいかなるものでもよく、例えば、PHO5プロモーター、PGKプロモーター、GAPプロモーター、ADHプロモーター、gal 1プロモーター、gal 10プロモーター、ヒートショック蛋白質プロモーター、MF α 1プロモーター、CUP 1プロモーター等をあげることができる。

【0078】

宿主細胞としては、サッカロミセス・セレビシエ (Saccharomyces cerevisiae)、シゾサッカロミセス・ポンベ (Schizosaccharomyces pombe)、クリュイベロミセス・ラクチス (Kluyveromyces lactis)、トリコスポロン・プルランス (Trichosporon pullulans)、シュワニオミセス・アルビウス (Schwanniomyces alluvius)等をあげることができる。

【0079】

組換えベクターの導入方法としては、酵母にDNAを導入する方法であればいずれも用いることができ、例えば、エレクトロポレーション法〔Methods. Enzymol., 194, 182 (1990)〕、スフェロプラスト法〔Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 75, 1929 (1978)〕、酢酸リチウム法〔J. Bacteriol., 153, 163 (1983)〕、Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 75, 1929 (1978)に記載の方法等をあげることができる。

【0080】

動物細胞を宿主細胞として用いる場合には、発現ベクターとして、例えば、p cDNA1、p cDM8 (フナコシ社製)、p AGE107 [特開平3-22979; Cytotechnology, 3, 133 (1990)]、p AS3-3 (特開平2-227075)、p CDM8 [Nature, 329, 840 (1987)]、p cDNA1/Amp (Invitrogen社製)、p REP4 (Invitrogen社製)、p AGE103 [J. Biochem., 101, 1307 (1987)]、p AGE210等を例示することができる。

【0081】

プロモーターとしては、動物細胞中で発現できるものであればいずれも用いることができ、例えば、サイトメガロウイルス (ヒトCMV) のIE (immediate early) 遺伝子のプロモーター、SV40の初期プロモーター、レトロウイルスのプロモーター、メタロチオネインプロモーター、ヒートショック蛋白質プロモーター、SR α プロモーター等をあげることができる。

【0082】

また、ヒトCMVのIE遺伝子のエンハンサーをプロモーターと共に用いてもよい。

宿主細胞としては、ヒトの細胞であるナマルバ (Namalwa) 細胞、サルの細胞であるCOS細胞、チャイニーズ・ハムスターの細胞であるCHO細胞、HBT5637 [特開昭63-299] 等をあげることができる。

【0083】

動物細胞への組換えベクターの導入法としては、動物細胞にDNAを導入できるいかなる方法も用いることができ、例えば、エレクトロポレーション法 [Cytotechnology, 3, 133 (1990)]、リン酸カルシウム法 (特開平2-227075)、リポフェクション法 [Proc.Natl.Acad.Sci.,USA, 84, 7413 (1987)]、Virology, 52, 456 (1973)に記載の方法等を用いることができる。形質転換体の取得および培養は、特開平2-227075号公報あるいは特開平2-257891号公報に記載されている方法に準じて行なうことができる。

【0084】

昆虫細胞を宿主として用いる場合には、例えばバキュロウイルス・エクスプレッション・ベクターズ、ア・ラボラトリー・マニュアル (Baculovirus Expressi

on Vectors, A Laboratory Manual)、カレント・プロトコールズ・イン・モレ
 キュラー・バイオロジー サプルメント1-38 (1987-1997)、Bio/Technology, 6,
 47 (1988)等に記載された方法によって、蛋白質を発現することができる。

【0085】

即ち、組換え遺伝子導入ベクターおよびバキュロウイルスを昆虫細胞に共導入
 して昆虫細胞培養上清中に組換えウイルスを得た後、さらに組換えウイルスを昆
 虫細胞に感染させ、蛋白質を発現させることができる。

該方法において用いられる遺伝子導入ベクターとしては、例えば、pVL13
 92、pVL1393、pBlueBacIII (ともにInvitrogen社
 製)等をあげることができる。

【0086】

バキュロウイルスとしては、例えば、夜盗蛾科昆虫に感染するウイルスである
 アウトグラフィ・カリフォルニカ・ヌクレアー・ポリヘドロシス・ウイルス(Aut
 ographa californica nuclear polyhedrosis virus)等を用いることができる。

【0087】

昆虫細胞としては、Spodoptera frugiperdaの卵巣細胞であるSf9、Sf2
 1 [Baculovirus Expression Vectors, A Laboratory Manual, W.H.Freeman an
 d Company, New York, (1992)]、Trichoplusia niの卵巣細胞であるHigh
 5 (Invitrogen社製)等を用いることができる。

【0088】

組換えウイルスを調製するための、昆虫細胞への上記組換え遺伝子導入ベク
 ターと上記バキュロウイルスの共導入方法としては、例えば、リン酸カルシウム法
 [特開平2-227075]、リポフェクション法 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84,
 7413 (1987)]等をあげることができる。

【0089】

遺伝子の発現方法としては、直接発現以外に、モレキュラー・クローニング
 第2版に記載されている方法等に準じて、分泌生産、融合蛋白質発現等を行うこ
 とができる。

酵母、動物細胞または昆虫細胞により発現させた場合には、糖あるいは糖鎖が

付加された蛋白質を得ることができる。

【0090】

ずり応力応答性DNAを組み込んだ組換え体DNAを保有する形質転換体を培地に培養し、培養物中にずり応力応答性蛋白質を生成蓄積させ、該培養物より該蛋白質を採取することにより、ずり応力応答性蛋白質を製造することができる。

【0091】

本発明のずり応力応答性蛋白質製造用の形質転換体を培地に培養する方法は、宿主の培養に用いられる通常の方法に従って行うことができる。

本発明の形質転換体が大腸菌等の原核生物、酵母等の真核生物である場合、これら微生物を培養する培地は、該微生物が資化し得る炭素源、窒素源、無機塩類等を含有し、形質転換体の培養を効率的に行える培地であれば天然培地、合成培地のいずれでもよい。

【0092】

炭素源としては、それぞれの微生物が資化し得るものであればよく、グルコース、フラクトース、スクロース、これらを含有する糖蜜、デンプンあるいはデンプン加水分解物等の炭水化物、酢酸、プロピオン酸等の有機酸、エタノール、プロパノールなどのアルコール類を用いることができる。

【0093】

窒素源としては、アンモニア、塩化アンモニウム、硫酸アンモニウム、酢酸アンモニウム、リン酸アンモニウム等の各種無機酸若しくは有機酸のアンモニウム塩、その他含窒素化合物、並びに、ペプトン、肉エキス、酵母エキス、コーンスチープリカー、カゼイン加水分解物、大豆粕および大豆粕加水分解物、各種発酵菌体およびその消化物等が用いられる。

【0094】

無機物としては、リン酸第一カリウム、リン酸第二カリウム、リン酸マグネシウム、硫酸マグネシウム、塩化ナトリウム、硫酸第一鉄、硫酸マンガン、硫酸銅、炭酸カルシウム等を用いることができる。

培養は、振盪培養または深部通気攪拌培養などの好氣的条件下で行う。培養温度は15～40℃がよく、培養時間は、通常16時間～7日間である。培養中p

Hは、3.0～9.0に保持する。pHの調整は、無機あるいは有機の酸、アルカリ溶液、尿素、炭酸カルシウム、アンモニアなどを用いて行う。

【0095】

また培養中必要に応じて、アンピシリンやテトラサイクリン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

プロモーターとして誘導性のプロモーターを用いた発現ベクターで形質転換した微生物を培養するときには、必要に応じてインデューサーを培地に添加してもよい。例えば、lacプロモーターを用いた発現ベクターで形質転換した微生物を培養するときにはイソプロピルーβ-D-チオガラクトピラノシド（IPTG）等を、trpプロモーターを用いた発現ベクターで形質転換した微生物を培養するときにはインドールアクリル酸（IAA）等を培地に添加してもよい。

【0096】

動物細胞を宿主細胞として得られた形質転換体を培養する培地としては、一般に使用されているRPMI 1640培地 [The Journal of the American Medical Association, 199, 519 (1967)]、EagleのMEM培地 [Science, 122, 501 (1952)]、ダルベッコ改変MEM培地 [Virology, 8, 396 (1959)]、199培地 [Proceeding of the Society for the Biological Medicine, 73, 1 (1950)] またはこれら培地に牛胎児血清等を添加した培地等を用いることができる。

【0097】

培養は、通常pH6～8、30～40℃、5%CO₂存在下等の条件下で1～7日間行う。

また、培養中必要に応じて、カナマイシン、ペニシリン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

【0098】

昆虫細胞を宿主細胞として得られた形質転換体を培養する培地としては、一般に使用されているTNM-FH培地（Pharmingen社製）、Sf-900 II SFM培地（Life Technologies社製）、ExCell 11400、ExCell 11405（いずれもJRH Biosciences社

製)、Grace's Insect Medium (Grace, T.C.C., Nature, 195, 788 (1962)) 等を用いることができる。

【0099】

培養は、通常 pH 6~7、25~30℃等の条件下で、1~5日間行う。

また、培養中必要に応じて、ゲンタマイシン等の抗生物質を培地に添加してもよい。

本発明の形質転換体の培養物から、本発明の動脈硬化に関連する活性を有する蛋白質を単離精製するには、通常の酵素の単離、精製法を用いればよい。

【0100】

例えば、本発明の蛋白質が、細胞内に溶解状態で発現した場合には、培養終了後、細胞を遠心分離により回収し水系緩衝液にけん濁後、超音波破碎機、フレンチプレス、マントンガウリンホモゲナイザー、ダイノミル等により細胞を破碎し、無細胞抽出液を得る。該無細胞抽出液を遠心分離することにより得られた上清から、通常の酵素の単離精製法、即ち、溶媒抽出法、硫酸等による塩析法、脱塩法、有機溶媒による沈殿法、ジエチルアミノエチル (DEAE) -セファロース、DIAION HPA-75 (三菱化成社製) 等レジンを用いた陰イオン交換クロマトグラフィー法、S-Sepharose FF (Amersham Pharmacia Biotech 社製) 等のレジンを用いた陽イオン交換クロマトグラフィー法、ブチルセファロース、フェニルセファロース等のレジンを用いた疎水性クロマトグラフィー法、分子篩を用いたゲルろ過法、アフィニティークロマトグラフィー法、クロマトフォーカシング法、等電点電気泳動等の電気泳動法等の手法を単独あるいは組み合わせて用い、精製標品を得ることができる。

【0101】

また、該蛋白質が細胞内に不溶体を形成して発現した場合は、細胞を回収後破碎し、遠心分離することにより、沈殿画分として蛋白質の不溶体を回収する。

回収した該蛋白質の不溶体を蛋白質変性剤で可溶化する。

該可溶化液を、希釈あるいは透析により、該可溶化液中の蛋白質変性剤の濃度を下げることににより、該蛋白質の構造を正常な立体構造に戻した後、上記と同様の単離精製法により該蛋白質の精製標品を得る。

【0102】

本発明の蛋白質あるいはその糖修飾体等の誘導体が細胞外に分泌された場合には、培養上清から、該蛋白質あるいはその糖鎖付加体等の誘導体を回収することができる。即ち、培養物から遠心分離等の手法により培養上清を回収し、該培養上清から、上記と同様の単離精製法を用いることにより、精製標品を得ることができる。

【0103】

このようにして取得される蛋白質として、例えば、配列番号144、146、148、150、152、154、156および158で表されるアミノ酸配列を有する蛋白質等をあげることができる。

また、上記方法により発現させた蛋白質を、Fmoc法(フルオレニルメチルオキシカルボニル法)、tBoc法(t-ブチルオキシカルボニル法)等の化学合成法によっても製造することができる。また、桑和貿易(米国Advanced ChemTech)社製、Perkin-Elmer社製、Amersham Pharmacia Biotech社製、アロカ(米国Protein Technology Instrument)社製、クラボウ(米国Synthecell-Vega)社製、日本パーセプティブ・リミテッド(米国PerSeptive)社製、島津製作所等のペプチド合成機を利用し合成することもできる。

【0104】

以下に、本発明の蛋白質を認識する抗体の調製法について述べる。

上記の方法により取得した蛋白質の全長または部分断片精製標品、あるいは本発明の蛋白質の一部のアミノ酸配列を有するペプチドを抗原として50~100 μ g/匹程、ウサギ、ヤギまたはラット、マウスもしくはハムスターの皮下、静脈内または腹腔内に、適当なアジュバント(例えば、フロインドの完全アジュバント(Complete Freund's Adjuvant)または、水酸化アルミニウムゲル、百日咳菌ワクチンなど)とともに投与する。ペプチドを抗原とする場合は、ペプチドをスカシガイヘモシアニン(keyhole limpet haemocyanin)や牛チログロブリンなどのキャリア蛋白に共有結合させたものを抗原とするのが望ましい。

【0105】

抗原とするペプチドは、ペプチド合成機で合成することができる。

該抗原の投与は、1回目の投与の後1～2週間おきに3～10回行う。各投与後、3～7日目に眼底静脈叢より採血し、該血清が免疫に用いた抗原と反応することを酵素免疫測定法〔酵素免疫測定法（ELISA法）：医学書院刊 1976年、Antibodies-A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory, 1988〕などで確認する。

【0106】

免疫に用いた抗原に対し、その血清が十分な抗体価を示した非ヒトほ乳動物を、血清または抗体産生細胞の供給源とする。

ポリクローナル抗体は、該血清を分離、精製することにより調製することができる。

【0107】

モノクローナル抗体は、該抗体産生細胞と非ヒトほ乳動物由来の骨髓腫細胞とを融合させてハイブリドーマを作製し、該ハイブリドーマを培養するか、動物に投与して該動物を腹水癌化させ、該培養液または腹水を分離、精製することにより調製することができる。

【0108】

抗体産生細胞としては、脾細胞、リンパ節、末梢血中の抗体産生細胞、特に脾細胞が好適に用いられる。

骨髓腫細胞としては、8-アザグアニン耐性マウス（BALB/c由来）骨髓腫細胞株であるP3-X63Ag8-U1(P3-U1)株〔Current Topics in Microbiology and Immunology, 18, 1 (1978)〕、P3-NS1/1-Ag41(NS-1)株〔European J. Immunology, 6, 511 (1976)〕、SP2/0-Ag14(SP-2)株〔Nature, 276, 269 (1978)〕、P3-X63-Ag8653(653)株〔J. Immunology, 123, 1548 (1979)〕、P3-X63-Ag8(X63)株〔Nature, 256, 495 (1975)〕等、マウス由来の株化細胞が好適に用いられる。

【0109】

ハイブリドーマ細胞は、以下の方法により作製できる。

抗体産生細胞と骨髓腫細胞を混合し、HAT培地（正常培地にヒポキサンチン、チミジンおよびアミノプテリンを加えた培地）に懸濁したのち、7～14日間

培養する。培養後、培養上清の一部をとり酵素免疫測定法などにより、抗原に反応し、抗原を含まない蛋白質には反応しないものを選択する。ついで、限界希釈法によりクローニングを行い、酵素免疫測定法により安定して高い抗体価の認められたものをモノクローナル抗体産生ハイブリドーマ細胞として選択する。

【0110】

ポリクローナル抗体またはモノクローナル抗体を分離、精製する方法としては、遠心分離、硫酸沈殿、カプリル酸沈殿、またはDEAE-セファロースカラム、陰イオン交換カラム、プロテインAまたはG-カラムあるいはゲル濾過カラム等を用いるクロマトグラフィー等を、単独または組み合わせて処理する方法があげられる。

【0111】

以下に、本発明の蛋白質を特定のヒト組織内で生産するための組換えウイルスベクターの調製法について述べる。

上述の方法により取得したずり応力応答性遺伝子のcDNAは、動脈硬化病変の形成に関与する活性を有する蛋白質をコードしている。

【0112】

完全長cDNAをもとに、必要に応じて、該蛋白質をコードする部分を含む適当な長さのDNA断片を調製する。

該DNA断片、あるいは完全長cDNAをウイルスベクタープラスミド内のプロモーターの下流に挿入することにより、組換えウイルスベクタープラスミドを造成する。

【0113】

該組換えウイルスベクタープラスミドを、該ウイルスベクタープラスミドに適合したパッケージング細胞に導入する。

パッケージング細胞はウイルスのパッケージングに必要な蛋白質をコードする遺伝子のいずれかを欠損している組換えウイルスベクタープラスミドの該欠損する蛋白質を補給できる細胞は全て用いることができ、例えばヒト腎臓由来のHEK293細胞、マウス繊維芽細胞NIH3T3などを用いることができる。パッケージング細胞で補給する蛋白質としては、レトロウイルスベクターの場合はマ

ウスレトロウイルス由来の *gag*, *pol*, *env* などの蛋白質が、レンチウイルスベクターの場合は HIV ウイルス由来の *gag*, *pol*, *env*, *vpr*, *vpu*, *vif*, *tat*, *rev*, *nef* などの蛋白質、アデノウイルスベクターの場合はアデノウイルス由来の E1A・E1B などの蛋白質が、アデノ随伴ウイルスの場合は Rep (p5, p19, p40), Vp (Cap) などの蛋白質を用いることができる。

【0114】

ウイルスベクタープラスミドとしては上記パッケージング細胞において組換えウイルスベクターを生産でき、標的細胞でずり応力応答性 DNA を転写できる位置にプロモーターを含有しているものが用いられる。プラスミドベクターとしては MFG [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 92, 6733-6737 (1995)]、pBabePuro [Nucleic Acids Res., 18, 3587-3596 (1990)]、LL-CG、CL-CG、CS-CG、CLG [Journal of Virology, 72, 8150-8157 (1998)]、pAdex1 [Nucleic Acids Res., 23, 3816-3821 (1995)]、プロモーターとしては、ヒト組織中で発現できるものであればいずれも用いることができ、例えば、サイトメガロウイルス (ヒト CMV) の IE (immediate early) 遺伝子のプロモーター、SV40 の初期プロモーター、レトロウイルスのプロモーター、メタロチオネインプロモーター、ヒートショック蛋白質プロモーター、SR α プロモーター等をあげることができる。また、ヒト CMV の IE 遺伝子のエンハンサーをプロモーターと共に用いてもよい。

【0115】

上記組換えウイルスベクタープラスミドを上記パッケージング細胞に導入することで組換えウイルスベクターを生産することができる。上記パッケージング細胞への上記組換えウイルスベクタープラスミドの導入法としては、例えば、リン酸カルシウム法 [特開平 2-227075 号公報]、リポフェクション法 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84, 7413 (1987)] 等をあげることができる。

以下に本発明のずり応力応答性 DNA を用いて、ずり応力応答性 mRNA を検出する方法について述べる。

【0116】

当該方法に用いられるDNAとしては、例えば配列番号1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 49, 51, 53, 55, 57, 59, 61, 63, 65, 67, 69, 71, 73, 75, 77, 79, 81, 83, 85, 87, 89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 115, 116, 117, 119, 121, 123, 125, 127, 129, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 137, 139, 141, 143, 145, 147, 149, 151, 153, 155, 157で表される塩基配列を有するDNA等があげられる。

【0117】

ヒト生体試料ならびにヒト初代培養細胞での、ずり応力応答性mRNAの発現量の変化ならびに発現しているmRNAの構造の変化を同定することは、将来動脈硬化を発症する危険性や、すでに発症した血管病の原因を知る上で有用である。

【0118】

ずり応力応答性mRNAの発現量や構造変化を検出する方法としては、例えば(1)ノーザンブロット法(2) in situハイブリダイゼーション法、(3)定量的PCR法、(4)デファレンシャル・ハイブリダイゼーション法、(5)DNAチップ法、(6)RNase保護アッセイ法などの方法等があげられる。

【0119】

上記方法により分析する材料としては、動脈硬化患者ならびに健常者より取得した血管内皮、血清、唾液等の生体試料、あるいは該生体試料から細胞を取得して試験管内の適当な培地中で培養した初代培養細胞試料から取得したmRNAあるいは全RNAが用いられる(以後、該mRNAおよび全RNAを検体由来RNAと称する)。また、生体試料から取得した組織を、パラフィンあるいはクリオスタット切片として単離したものをを用いることもできる。

【0120】

ノーザンブロット法とは、該検体由来RNAをゲル電気泳動で分離後、ナイロニフィルター等の支持体に転写し、本発明のDNAより調製した標識プローブを用いて、ハイブリダイゼーションならびに洗浄を行うことで、ずり応力応答性mRNAに特異的に結合したバンドを検出する方法のことであり、ずり応力応答性mRNAの発現量ならびに構造の変化を検出することができる。ハイブリダイゼーションを行う際には、プローブと該検体由来RNA中のずり応力応答性mRNAが安定なハイブリッドを形成する条件でインキュベーションする。誤った陽性を防ぐためには、ハイブリダイゼーションならびに洗浄工程は高ストリンジェントな条件で行うことが望ましい。これは、温度、イオン強度、塩基組成、プローブの長さ、およびホルムアミド濃度等の多数の因子により決定される。これらの因子は、例えば、モレキュラー・クローニング 第2版に記載されている。

【0121】

ノーザンブロット法に用いる標識プローブは、例えば、公知の方法(ニック・トランスレーション、ランダム・プライミングまたはキナーゼリング)により放射線同位体、ビオチン、蛍光基、化学発光基等を、本発明のDNAあるいは該DNAの配列から設計したオリゴヌクレオチドに取り込ませることで調製できる。

【0122】

標識プローブの結合量はずり応力応答性mRNAの発現量を反映することから、結合した標識プローブの量を定量することでずり応力応答性mRNAの発現量を定量することができる。また、標識プローブ結合部位を分析することで、ずり応力応答性mRNAの構造変化を知ることができる。

【0123】

上記標識プローブおよび、生体から取得した組織をパラフィンあるいはクリオスタット切片として単離したものを用いてハイブリダイゼーションならびに洗浄の工程を行う in situ ハイブリダイゼーション法によって、ずり応力応答性mRNAの発現量を検出することができる。in situ ハイブリダイゼーション法で、誤った陽性を防ぐためには、ハイブリダイゼーションならびに洗浄工程は高ストリンジェントな条件で行うことが望ましい。これは、温度、イオン強度、塩基組成、プローブの長さ、およびホルムアミド濃度等の多数の因子によ

り決定される。これらの因子は、例えばカレント・プロトコールズ・イン・モレキュラー・バイオロジーに記載されている。

【0124】

定量的PCR法やデファレンシャル・ハイブリダイゼーション法あるいはDNAチップ等のずり応力応答性mRNAの検出法は、検体由来RNA、オリゴdTプライマーまたはランダムプライマーおよび逆転写酵素を用いてcDNAを合成することに基づいた方法で行うことができる（以後、該cDNAを検体由来cDNAと称する）。検体由来RNAがmRNAの場合は、上記いずれのプライマーも用いることができるが、該検体由来RNAが全RNAである場合は、オリゴdTプライマーを用いることが必要である。

【0125】

定量的PCR法では、検体由来cDNAをテンプレートとし本発明のDNAが有する塩基配列に基づき設計したプライマーを用いてPCRを行うことで、ずり応力応答性mRNA由来のDNA断片が増幅される。該増幅DNA断片の量はずり応力応答性mRNAの発現量を反映することから、ずり応力に应答しないアクチンやG3PDH(glyceraldehyde 3-phosphate dehydrogenase)等をコードするDNAを内部コントロールとして置くことでずり応力応答性mRNAの量を定量することが可能である。また、該増幅DNA断片をゲル電気泳動により分離することで、ずり応力応答性mRNAの構造の変化を知ることでもある。

【0126】

本検出法は、標的配列を特異的にかつ効率的に増幅する適当なプライマーを用いることが望ましい。適当なプライマーは、プライマー間の結合やプライマー内の結合を起こさず、アニーリング温度で標的cDNAと特異的に結合して、変性条件で標的からはずれる等の条件に基づき設計することができる。該増幅DNA断片の定量は増幅産物が指数関数的に増加しているPCR回数の内に行うことが必要である。このようなPCR回数は、各回数ごとに生産される該増幅DNA断片を回収してゲル電気泳動で分析することで知ることができる。

【0127】

検体由来RNAから、標識dNTPを用いて合成した検体由来cDNAをプロ

ープとして、本発明のDNAを固定化させたフィルターあるいはスライドガラスやシリコンなどの基盤に対してハイブリダイゼーションならびに洗浄を行うことで、ずり応力応答性mRNAの発現量の変動を検出することができる。

【0128】

このような原理に基づく方法には、デファレンシャル・ハイブリダイゼーション法〔Trends in Genetics, 7, 314-317 (1991)〕やDNAチップ法〔Genome Research, 6, 639-645 (1996)〕と呼ばれる方法がある。いずれの方法もフィルターあるいは基盤上にアクチンやG3PDHなどの内部コントロールを固定化することで、対照検体と標的検体の間でのずり応力応答性mRNAの発現の違いを正確に検出することができる。また対照検体と検体由来のRNAをそれぞれ異なる標識dNTPを用いてcDNA合成を行い、1枚のフィルターあるいは1枚の基盤に二つの標識cDNAプローブを同時にハイブリダイズさせることで正確なずり応力応答性mRNAの発現量の定量を行うことができる。

【0129】

RNase保護アッセイでは、まず本発明のDNAの3'端にT7プロモーター、SP6プロモーターなどのプロモーター配列を結合し、RNAポリメラーゼを用いたin vitroの転写系により標識したrNTPを用いて、標識したアンチセンスRNAを合成する。該標識アンチセンスRNAは、検体由来RNAと結合させて、RNA-RNAハイブリッドを形成させた後、RNaseで消化し、消化から保護されたバンドをゲル電気泳動で検出する。保護されたバンドを定量することで、ずり応力応答性mRNAの発現量を定量することができる。

【0130】

以下に本発明のずり応力応答性DNAを用いて動脈硬化の原因遺伝子を検出する方法について述べる。

当該方法に用いられるDNAとしては、例えば配列番号1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 49, 51, 53, 55, 57, 59, 61, 63, 65, 67, 69, 71, 73, 75, 77, 79, 81,

83, 85, 87, 89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 115, 116, 117, 119, 121, 123, 125, 127, 129, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 137, 139, 141, 143, 145, 147, 149, 151, 153, 155, 157で表される塩基配列を有するDNA等があげられる。

【0131】

ずり応力応答性遺伝子座中に存在する動脈硬化の原因となる変異の存在の有無を評価するための最も明確な試験は、対照集団からの遺伝子と動脈硬化患者からの遺伝子とを直接比較することである。

具体的には10～100人の動脈硬化患者ならび健常者から、血管内皮、血清、唾液等のヒト生体試料あるいは、該生体試料から樹立した初代培養細胞由来の試料を集め、該生体試料ならびに該初代培養細胞由来試料中からDNAを抽出する（以後、該DNAを検体由来DNAと称する）。該検体由来DNAは直接あるいは、本発明のDNAが有する塩基配列に基づき設計したプライマーを用いてずり応力応答性DNAを増幅して用いることができる。別法として、該検体由来cDNAをテンプレートとして、本発明のDNAが有する塩基配列に基づき設計したプライマーによりPCRを行うことでずり応力応答性DNA配列を含むDNA断片を増幅して用いることができる。

【0132】

本発明のDNAに動脈硬化の原因となる変異があるかどうかを選別する方法として、野生型対立遺伝子を有するDNA鎖と変異対立遺伝子を有するDNA鎖とのハイブリダイズにより形成されるヘテロ二本鎖を検出する方法を用いることができる。

【0133】

ヘテロ二本鎖を検出する方法には、（1）ポリアクリルアミド電気泳動によるヘテロ二本鎖検出法〔Trends Genet., 7, 5（1991）〕、（2）一本鎖コンフォメーション多型解析法〔Genomics, 16, 325-332（1993）〕、（3）ミスマッチの化学的切断法（CCM, ch

emical cleavage of mismatches)、(4) ミスマッチの酵素的切断法 [Nature Genetics, 9, 103-104 (1996)]、(5) 変性ゲル電気泳動法 [Mutat. Res., 288, 103-112 (1993)] 等の方法があげられる。

【0134】

検体由来DNAあるいは検体由来cDNAをテンプレートに、ずり応力応答性DNAを本発明のDNAが有する配列に基づき設計したプライマーにより、200bpよりも小さい断片として増幅し、ポリアクリルアミド電気泳動を行うことにより、ずり応力応答性DNAの変異によりヘテロ二本鎖が形成された場合は、変異を持たないホモ二本鎖よりも移動度が遅く、それらは余分なバンドとして検出することができる。特製のゲル (Hydro-link, MDEなど) を用いたほうが分離度はよい。200bpよりも小さい断片の検索ならば、挿入、欠失、ほとんどの1塩基置換を検出可能である。ヘテロ二本鎖解析は、次に述べる一本鎖コンフォメーション解析と組み合わせた1枚のゲルで行うことが望ましい。

【0135】

一本鎖コンフォメーション多型解析 (SSCP解析; single strand conformation polymorphism analysis) では、検体由来DNAあるいは検体由来cDNAをテンプレートに、本発明のDNAが有する配列に基づき設計したプライマーにより、200bpよりも小さい断片として増幅したずり応力応答性DNAを変性後、未変性ポリアクリルアミドゲル中で泳動する。DNA増幅を行う際にプライマーを同位体あるいは蛍光色素で標識するか、または未標識の増幅産物を銀染色することにより、増幅したずり応力応答性DNAをバンドとして検出することができる。

【0136】

野生型のパターンとの相違を明らかにするために、コントロールの検体も同時に泳動すると、変異を持った断片を移動度の違いから検出できる。

ミスマッチ化学的切断法 (CCM法) では、検体由来DNAあるいは検体由来cDNAをテンプレートに、ずり応力応答性DNAを本発明のDNAが有する配列に基づき設計したプライマーで増幅したDNA断片を、本発明のDNAに同位

体あるいは蛍光標識をとり込ませた標識DNAとハイブリダイズさせ、四酸化オスミウムで処理することでミスマッチしている場所のDNAの一方の鎖を切断させ変異を検出することができる。CCMは最も感度の高い検出法の1つであり、キロベースの長さの検体にも適応できる。

【0137】

上記、四酸化オスミウムの代わりにT4ファージリゾルベースとエンドヌクレアーゼVIIのような細胞内でミスマッチの修復に関与する酵素とRNaseAと組み合わせることで、酵素的にミスマッチを切断することもできる。

変性ゲル電気泳動法 (denaturing gradient gel electrophoresis: DGGE法) では、検体由来DNAあるいは検体由来cDNAをテンプレートに、ずり応力応答性DNAを本発明のDNAが有する配列に基づき設計したプライマーで増幅したDNA断片を化学的変性剤の濃度勾配や温度勾配を有するゲルを用いて電気泳動する。増幅したDNA断片はゲル内を一本鎖に変性する位置まで移動し、変性後は移動しなくなる。

【0138】

ずり応力応答性DNAに変異がある場合とない場合では増幅したDNAのゲル内での移動が異なることから、変異の存在を検出することが可能である。検出感度を上げるにはそれぞれのプライマーにポリ (G:C) 末端を付けるとよい。

本発明のDNAに動脈硬化の原因となる変異があるかどうかを選別する別の方法として、蛋白質短縮試験 (protein truncation test: PTT法) [Genomics, 20, 1-4 (1994)] がある。

【0139】

該試験により蛋白質の欠損を生み出すフレームシフト突然変異、スプライス部位突然変異、ナンセンス突然変異を特異的に検出することができる。PTT法では、本発明のDNAの5'末端にT7プロモーター配列と真核生物翻訳開始配列をつないだ特殊なプライマーを設計し、該プライマーを用いて検体由来RNAより逆転写PCR (RT-PCR) 法でcDNAを作成する。該cDNAを用い、in vitro転写、翻訳系で反応させると、T7プロモーターによりmRNAに転写され、翻訳開始配列により翻訳され、蛋白質が生産される。該蛋白質を

ゲルに泳動して、該蛋白質の泳動位置が完全長蛋白質に相当する位置にあれば欠損を生み出す変異は存在せず、該蛋白質に欠損がある場合は、完全長蛋白質より短い位置に該蛋白質は泳動され、該位置より欠損の程度を知ることができる。

【0140】

検体由来DNAならびに検体由来cDNAの塩基配列を決定するために本発明のDNAが有する塩基配列に基づいて設計したプライマーを用いることが可能である。決定された塩基配列を解析することにより、検体由来DNAあるいは検体由来cDNAに動脈硬化の原因となる変異があるか否かを判別できる。

【0141】

ずり応力応答性遺伝子のコード領域以外の突然変異は、該遺伝子の付近またはその中のイントロンおよび調節配列のような、非コード領域を検査することによって検出し得る。非コード領域中の突然変異に起因する動脈硬化疾患は、上記に記載した方法に従い対照検体と比較した場合の、動脈硬化患者における異常なサイズの、または異常な生産量のmRNAを検出することで確認することができる。

【0142】

このようにして非コード領域における変異の存在が示唆された該遺伝子については、本発明のDNAをハイブリダイゼーションのプロープとして用いることにより、非コード領域のDNAをクローン化することができる。非コード領域における変異は上述のいずれかの方法に準じて探索することができる。

【0143】

見いだされた突然変異は、Handbook of Human Genetics Linkage. The John Hopkins University Press, Baltimore (1994)に記載された方法に従い統計処理を行うことで、動脈硬化との連鎖があるSNPs(シングル・ヌクレオチド・ポリモルフィズム)として同定することができる。また、動脈硬化の病歴を持つ家族から、先に示した方法に従いDNAを取得し、変異を検出することで、動脈硬化の原因遺伝子を同定することができる。

【0144】

以下に本発明のずり応力応答性DNAを用い動脈硬化を原因とする血管病を診断する方法について述べる。

当該方法に用いられるDNAとしては、例えば配列番号1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 49, 51, 53, 55, 57, 59, 61, 63, 65, 67, 69, 71, 73, 75, 77, 79, 81, 83, 85, 87, 89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 115, 116, 117, 119, 121, 123, 125, 127, 129, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 137, 139, 141, 143, 145, 147, 149, 151, 153, 155, 157で表される塩基配列を有するDNA等があげられる。

【0145】

動脈硬化の原因は、ヒトのいずれかの組織における遺伝子の突然変異を検出することによって確認し得る。例えば、生殖細胞系に突然変異がある場合、当該変異を遺伝した個人は、動脈硬化を発症し易い傾向である可能性がある。当該突然変異は、該個人の体のいずれかの組織からのDNAを試験することによって決定し得る。例えば、採血しその血液の細胞からDNAを抽出し、このDNAを用い、遺伝子の突然変異を試験することにより、動脈硬化を診断することができる。また、胎児細胞、胎盤細胞または羊膜細胞を用い、遺伝子の突然変異を試験することにより、出生前診断を行うことができる。

【0146】

また血管病を発症した患者から、病巣部位の生体組織を取得してDNAを試験することにより、血管病の種類を診断し、投与する薬物の選択などに利用することができる。組織中の遺伝子の変化を検出するためには、周囲の正常組織から遊離した病巣部位の組織を単離することが有用である。動脈硬化巣は、動脈硬化の発症部位を健常な血管と取替えるバイパス手術等により取得することができる。このようにして取得した組織をトリプシンなどで処理し、得られた細胞を適当な培地で培養する。培養した細胞からは染色体DNAならびにmRNAを抽出するこ

とができる。

【0147】

以後、診断を目的としてヒト検体から上記いずれかの方法で取得したDNAを診断検体由来DNAと称する。また、診断を目的としてヒト検体から上記いずれかの方法で取得したRNAより合成したcDNAを診断検体由来cDNAと称する。

【0148】

本発明のずり応力応答性DNAおよび診断検体由来DNAあるいは診断検体由来cDNAを用い、上記動脈硬化の原因遺伝子を検出する方法に準じた方法により、動脈硬化の診断を行うことができる。

また、本発明のずり応力DNAおよび診断検体由来DNAあるいは診断検体由来cDNAを利用した動脈硬化の診断には(1)制限酵素部位の検出、(2)対立遺伝子特異的なオリゴヌクレオチドプローブの利用(ASO: allele specific oligonucleotide hybridization)、(3)対立遺伝子特異的なオリゴヌクレオチドを用いたPCR(ARM S: amplification refractory mutation system)、(4)オリゴヌクレオチドライゲーションアッセイ(OLA: oligonucleotide ligation assay)、(5)PCR-PHFA法(PCR-preferential homoduplex formation assay)、(6)オリゴDNAアレイ〔蛋白質核酸酵素、43, 2004-2011(1998)〕等の方法も用いることができる。

【0149】

単一塩基変化により制限酵素部位が消失あるいは発生する場合は、診断検体由来DNAあるいは診断検体由来cDNAを、本発明のDNAが有する配列に基づき設計したプライマーで増幅し、該制限酵素で消化し、得られた制限酵素切断DNA断片を正常人の場合と比較することで簡便に変異を検出することができる。しかしこのような変化が起こることはまれであり、診断目的には、本発明のDNAが有する配列に基づき設計したPCRプライマーにアニーリングに影響を与え

ないミスマッチを導入することで、制限酵素部位の消失や発生を伴わない変異に対して、人工的に制限酵素部位を導入することが行われる。

【0150】

短い合成DNAプローブは、完全に対合する配列とだけハイブリダイズする。この特徴を利用して、対立遺伝子特異的なオリゴヌクレオチドプローブ（ASO）を作成することで、1塩基の変異を容易に検出することができる。診断目的には、本発明のDNAが有する配列と同定された変異に基づき設計したオリゴヌクレオチドをフィルターに結合させ、診断検体由来DNAあるいは診断検体由来cDNAから本発明のDNAが有する配列を用いて設計したプライマーと標識したdNTPを用いたPCRで作成したプローブを用いてハイブリダイズを行うリバーソットプロットが用いられることが多い。スライドガラスやシリコンなどの基盤に直接、本発明のDNAが有する配列と該変異に基づき設計したオリゴヌクレオチドを合成して、高密度のアレイをつくったDNAチップ法は、少量の診断検体由来DNAあるいは診断検体由来cDNAを利用して多様な変異をより簡便に検出できるため大規模な診断目的に適した変異検出法である。

【0151】

塩基変異は、以下のオリゴヌクレオチドライゲーションアッセイ（OLA）法によっても検出できる。

突然変異部位を挟んで両側にハイブリダイズする本発明のDNAが有する配列より設計した20塩基程度のオリゴヌクレオチドを2本作成する。診断検体由来DNAあるいは診断検体由来cDNAをテンプレートとして用い、本発明のDNAが有する配列から設計したプライマーを用い、PCRによりずり応力応答性DNA断片を増幅する。該増幅断片と上記ポリヌクレオチドとをハイブリダイズさせる。ハイブリダイズ後に、DNAリガーゼで2本のオリゴヌクレオチドを連結させる。例えば、一方のオリゴヌクレオチドにはビオチンを、他方のオリゴヌクレオチドにジゴケシゲニンのような異なる標識をつけると、連結反応が起こったかどうかを速やかに検出するが可能である。OLAは電気泳動や遠心分離操作が不要なために、大規模な診断目的として適した変異検出法である。

【0152】

また、以下のPCR-PHFA法により微量な変異遺伝子を定量的かつ容易に検出することができる。

PCR-PHFA法は、遺伝子増幅法（PCR）、非常に高い特異性を示す液相でのハイブリダイゼーション、ELISAと同様の操作でPCR産物を検出するED-PCR（enzymatic detection of PCR product）の3つを組み合わせたものである。dinitrophenyl（DNP）標識およびビオチン標識したプライマーセットを用いて、本発明のDNAをテンプレートにPCR増幅を行い、両末端標識増幅物を調製する。これに対して、標識を持たない同じ配列を有するプライマーセットと診断検体由来DNAあるいは診断検体由来cDNAをテンプレートに増幅して得た非標識増幅物を20～100倍の大過剰量混合する。そして熱変性後、1℃/5分～10分程度の緩やかな温度勾配で冷却し、完全な相補鎖を優先的に形成させる。こうして再形成された標識DNAはビオチンを介してストレプトアビジン固定化ウエルに捕獲吸着し、他方のDNPを介して酵素標識抗DNP抗体を結合させて酵素による発色反応により検出する。検体中に標識DNAと同じ配列の遺伝子が存在しない場合は、元の2本鎖の標識DNAが優先的に再形成されて発色を示す。これに対し、同じ配列の遺伝子が存在する場合は、相補鎖の置換がランダムに生じるため再形成される標識DNAは減少するので、発色は著しく低下する。これにより、既知の変異・多型遺伝子の検出・定量が可能となる。

【0153】

以下に、本発明の抗体を用いて、本発明のずり応力応答性蛋白質を免疫学的に検出および定量する方法について述べる。

本発明の抗体（ポリクローナル抗体、あるいはモノクローナル抗体）を用いて、本発明の蛋白質を細胞内あるいは細胞外に発現した微生物、動物細胞あるいは昆虫細胞または組織を、免疫学的に検出および定量する方法としては、蛍光抗体法、酵素免疫測定法（ELISA法）、放射性物質標識免疫抗体法（RIA）、免疫組織染色法、免疫細胞染色法などの免疫組織化学染色法（ABC法、CSA法等）、ウェスタンブロッティング法、ドットブロッティング法、免疫沈降法、サンドイッチELISA法〔単クローン抗体実験マニュアル（講談社サイエンテ

イフィック) (1987)、続生化学実験講座5 免疫生化学研究法(東京化学同人) (1986)] などがあげられる。

【0154】

蛍光抗体法とは、本発明の蛋白質を細胞内あるいは細胞外に発現した微生物、動物細胞あるいは昆虫細胞または組織に、本発明の抗体を反応させ、さらにフルオレシニン・イソチオシアネート(FITC)などの蛍光物質でラベルした抗マウスIgG抗体あるいはその断片を反応させた後、蛍光色素をフローサイトメーターで測定する方法である。

【0155】

酵素免疫測定法(ELISA法)とは、本発明の蛋白質を細胞内あるいは細胞外に発現した微生物、動物細胞あるいは昆虫細胞に、本発明の抗体を反応させ、さらにペルオキシダーゼ、ビオチンなどの酵素標識などを施した抗マウスIgG抗体あるいは結合断片を反応させた後、発色色素を吸光光度計で測定する方法である。

【0156】

放射性物質標識免疫抗体法(RIA)とは、本発明の蛋白質を細胞内あるいは細胞外に発現した微生物、動物細胞あるいは昆虫細胞または組織に、本発明の抗体を反応させ、さらに放射線標識を施した抗マウスIgG抗体あるいはその断片を反応させた後、シンチレーションカウンターなどで測定する方法である。

【0157】

免疫細胞染色法、免疫組織染色法とは、本発明の蛋白質を細胞内あるいは細胞外に発現した微生物、動物細胞あるいは昆虫細胞または組織に、本発明の抗体を反応させ、さらにFITCなどの蛍光物質、ペルオキシダーゼ、ビオチンなどの酵素標識を施した抗マウスIgG抗体あるいはその断片を反応させた後、顕微鏡を用いて観察する方法である。

【0158】

ウェスタンブロッティング法とは、本発明の蛋白質を細胞内あるいは細胞外に発現した微生物、動物細胞あるいは昆虫細胞または組織の抽出液をSDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動[Antibodies-A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1981]で分離し、抗体で反応させ、発色剤で検出する方法である。

ng Harbor Laboratory, (1988)] で分画した後、該ゲルを P V D F 膜あるいはニトロセルロース膜にブロッティングし、該膜に本発明の抗体を反応させ、さらに F I T C などの蛍光物質、ペルオキシダーゼ、ビオチンなどの酵素標識を施した抗マウス I g G 抗体あるいはその断片を反応させた後、確認する方法である。

【0159】

ドットブロッティング法とは、本発明の蛋白質を細胞内あるいは細胞外に発現した微生物、動物細胞あるいは昆虫細胞または組織の抽出液をニトロセルロース膜にブロッティングし、該膜に本発明の抗体を反応させ、さらに F I T C などの蛍光物質、ペルオキシダーゼ、ビオチンなどの酵素標識を施した抗マウス I g G 抗体あるいは結合断片を反応させた後、確認する方法である。

【0160】

免疫沈降法とは、本発明の蛋白質を細胞内あるいは細胞外に発現した微生物、動物細胞あるいは昆虫細胞または組織の抽出液を本発明の抗体と反応させた後、プロテイン G-セファロース等イムノグロブリンに特異的な結合能を有する担体を加えて抗原抗体複合体を沈降させる方法である。

【0161】

サンドイッチ E L I S A 法とは、本発明の抗体で、抗原認識部位の異なる 2 種類の抗体のうち、あらかじめ一方の抗体をプレートに吸着させ、もう一方の抗体を F I T C などの蛍光物質、ペルオキシダーゼ、ビオチンなどの酵素で標識しておき、抗体吸着プレートに、本発明の蛋白質を細胞内あるいは細胞外に発現した微生物、動物細胞あるいは昆虫細胞または組織の抽出液を反応させた後、標識した抗体を反応させ、標識物質に応じた反応を行う方法である。

【0162】

以下に本発明の抗体を用いて動脈硬化を原因とする血管病を診断する方法について述べる。

ヒト生体試料ならびヒト初代培養細胞での、ずり応力応答性蛋白質の発現量の変化ならびに発現している蛋白質の構造変化を同定することは、将来動脈硬化を発症する危険性やすでに発症した血管病の原因を知る上で有用である。

【0163】

ずり応力応答性蛋白質の発現量や構造変化を検出して診断する方法としては、上記した、蛍光抗体法、酵素免疫測定法（ELISA法）、放射性物質標識免疫抗体法（RIA）、免疫組織染色法、免疫細胞染色法などの免疫組織化学染色法（ABC法、CSA法等）、ウェスタンブロッティング法、ドットブロッティング法、免疫沈降法、サンドイッチELISA法などがあげられる。

【0164】

上記方法により診断する材料としては、ヒト検体より取得した病巣部位の血管、血液、血清、尿、便、唾液などの生体試料そのものあるいは、該生体試料から取得した細胞ならびに細胞抽出液が用いられる。また、生体試料から取得した組織を、パラフィンあるいはクリオスタット切片として単離したものをを用いることもできる。

【0165】

以下に本発明のずり応力応答性DNA、該DNAがコードする蛋白質または該蛋白質を認識する抗体を用いて動脈硬化を原因とする血管病の治療薬のスクリーニングする方法について述べる。

当該スクリーニング方法において用いられるDNAとしては、例えば配列番号 1, 3, 5, 7, 9, 11, 13, 15, 17, 19, 21, 23, 25, 27, 29, 31, 33, 35, 37, 39, 41, 43, 45, 47, 49, 51, 53, 55, 57, 59, 61, 63, 65, 67, 69, 71, 73, 75, 77, 79, 81, 83, 85, 87, 89, 91, 93, 95, 97, 99, 101, 103, 105, 107, 109, 111, 113, 115, 116, 117, 119, 121, 123, 125, 127, 129, 130, 131, 132, 133, 134, 135, 137, 139, 141, 143, 145, 147, 149, 151, 153, 155, 157で表される塩基配列を有するDNAがあげられ、蛋白質としては、配列番号144, 146, 148, 150, 152, 154, 156または158で表されるアミノ酸配列から選ばれるアミノ酸配列を有する蛋白質、あるいは、該蛋白質の有するアミノ酸とは1もしくは数個のアミノ酸が欠失、置換または付加したアミノ酸からなり、かつ動脈硬化病変の形成に関与する活性を有する蛋白質があげられ、抗体としては、該蛋白

質を認識する抗体があげられる。

【0166】

本発明のDNAを導入して本発明の蛋白質あるいは該蛋白質の一部を構成するポリペプチドを生産するように形質転換した微生物、動物細胞、または昆虫細胞ならびに、精製した該蛋白質あるいは該ポリペプチドは、ずり応力応答性蛋白質に特異的に作用する薬剤をスクリーニングするために有用である。スクリーニングにより得られた薬剤は、動脈硬化を原因とする血管病の治療に有用である。

【0167】

上記スクリーニングの1つの方法は、本発明の蛋白質あるいは該蛋白質の一部を構成するポリペプチドを生産するように形質転換した微生物、動物細胞、または昆虫細胞（以後探索用形質転換体と称する）に特異的に結合する標識化合物を選択することである。形質転換していない微生物、動物細胞、または昆虫細胞を対照群として比較することで、特異的な標識化合物の結合を検出することができる。また、該探索用形質転換体に特異的に結合する化合物あるいは蛋白質の該探索用形質転換体に対する結合を阻害することを指標に、非標識化合物を競合スクリーニングすることができる。

【0168】

精製した本発明の蛋白質または該蛋白質の一部を構成するポリペプチドは、ずり応力応答性蛋白質に特異的に結合する標識化合物を選択するのに用いることができる。標識化合物の結合を定量するには、本発明の抗体を用いて上記の免疫学的方法により行うことができる。また、該蛋白質あるいは該ポリペプチドに結合する標識化合物の該蛋白質あるいは該ポリペプチドに対する結合を阻害することを指標に、非標識化合物を競合スクリーニングすることができる。

【0169】

上記スクリーニングのもう1つの方法としては、該蛋白質の一部を構成するペプチドを多数、プラスチックピンまたはある種の固体支持体上で高密度に合成し、該ペプチドに選択的に結合する化合物あるいは蛋白質を効率的にスクリーニングする方法がある（WO84/03564）。

【0170】

血管内皮細胞で、ずり応力応答性 mRNA あるいは蛋白質の発現を促進あるいは抑制する発現調節用薬剤も、動脈硬化を原因とする血管病の治療に有効である。

血管内皮細胞系統に種々の化合物を添加し、本発明の DNA を用いて、ずり応力応答性 mRNA の発現の増減を検定することでずり応力応答性遺伝子の転写もしくは翻訳を抑制または促進する物質をスクリーニングすることができる。

【0171】

ずり応力応答性 mRNA の発現の増減は、上記した PCR 法、ノーザンブロット法、RA アーゼ保護法により検出できる。

血管内皮細胞系統に種々の化合物を添加し、本発明の抗体を用いて、ずり応力応答性蛋白質の発現の増減を検定することでずり応力応答性遺伝子の転写もしくは翻訳を抑制または促進する物質をスクリーニングすることができる。ずり応力応答性蛋白の発現の増減は、上記した蛍光抗体法、酵素免疫測定法（ELISA 法）、放射性物質標識免疫抗体法（RIA）、免疫組織染色法、免疫細胞染色法などの免疫組織化学染色法（ABC 法、CASA 法等）、ウェスタンブロッティング法、ドットブロッティング法、免疫沈降法、サンドイッチ ELISA 法により検出できる。

【0172】

上述の方法により取得した化合物は、ApoE ノックアウトマウスや高コレステロール食を与えたウサギなどの動脈硬化モデル動物に薬剤として投与し、該動物の酸化 LDL やコレステロールの血管内皮への取り込みならびに動脈硬化病変の形成を測定することにより、該化合物のその動脈硬化を原因とする血管病への治療効果を評価することが可能である。

【0173】

以下に本発明の抗体を用いたドラッグデリバリーの方法について述べる。

当該ドラッグデリバリーに用いられる抗体は、本発明の抗体であればいずれでも良いが、特にヒト化抗体を用いることが望ましい。

ヒト化抗体としては、ヒト型キメラ抗体、ヒト型 CDR (Complementary Determining Region; 相補性決定領域; 以下、CDR と記す) 移植抗体などがあげられる。

【0174】

ヒト型キメラ抗体は、ヒト以外の動物の抗体重鎖可変領域（以下、重鎖はH鎖として、可変領域はV領域としてHVまたはVHとも称す）および抗体軽鎖可変領域（以下、軽鎖はL鎖としてLVまたはVLとも称す）とヒト抗体の重鎖定常領域（以下、定常領域はC領域としてCHとも称す）およびヒト抗体の軽鎖定常領域（以下、CLとも称す）とからなる抗体を意味する。ヒト以外の動物としては、マウス、ラット、ハムスター、ラビット等、ハイブリドーマを作製することが可能であれば、いかなるものも用いることができる。

【0175】

本発明のヒト型キメラ抗体は、本発明の蛋白質に結合し、本発明の蛋白質の作用を中和するモノクローナル抗体を生産するハイブリドーマより、VHおよびVLをコードするcDNAを取得し、ヒト抗体CHおよびヒト抗体CLをコードする遺伝子を有する動物細胞用発現ベクターにそれぞれ挿入してヒト型キメラ抗体発現ベクターを構築し、動物細胞へ導入することにより発現させ製造することができる。

【0176】

ヒト型キメラ抗体のCHとしては、ヒトイムノグロブリン（以下、hIgと表記する）に属すればいかなるものでもよいが、hIgGクラスのもの好適であり、更にhIgGクラスに属するhIgG1、hIgG2、hIgG3、hIgG4といったサブクラスのいずれも用いることができる。また、ヒト型キメラ抗体のCLとしては、hIgに属すればいかなるものでもよく、κクラスあるいはλクラスのものを用いることができる。

【0177】

ヒト型CDR移植抗体は、ヒト以外の動物の抗体のVHおよびVLのCDRのアミノ酸配列をヒト抗体のVHおよびVLの適切な位置に移植した抗体を意味する。

本発明のヒト型CDR移植抗体は、本発明の蛋白質に反応し、本発明の蛋白質に結合し、本発明の蛋白質の作用を中和する、ヒト以外の動物の抗体のVHおよびVLのCDR配列で任意のヒト抗体のVHおよびVLのCDR配列をそれぞれ置換したV領域をコードするcDNAを構築し、ヒト抗体のCHおよびヒト抗体のCLをコードする遺伝子を有する動物細胞用発現ベクターにそれぞれ挿入してヒト型CDR移植抗体発現ベクターを構築し、動物細胞へ導入し、発現させることにより製造することが

できる。

【0178】

ヒト型CDR移植抗体のCHとしては、hIgに属すればいかなるものでもよいが、hIgGクラスのもの好適であり、更にhIgGクラスに属するhIgG1、hIgG2、hIgG3、hIgG4といったサブクラスのいずれも用いることができる。また、ヒト型CDR移植抗体のCLとしては、hIgに属すればいかなるものでもよく、 κ クラスあるいは λ クラスのものを用いることができる。

【0179】

ヒト抗体は、元来、ヒトの体内に天然に存在する抗体を意味するが、最近の遺伝子工学的、細胞工学的、発生工学的な技術の進歩により作製されたヒト抗体ファージライブラリーおよびヒト抗体産生トランスジェニック動物から得られる抗体等も含まれる。

【0180】

ヒトの体内に存在する抗体は、例えば、以下の方法により取得することができる。

ヒト末梢血リンパ球を単離し、EBウイルス等を感染させ不死化させた後、クローニングする。得られた該抗体を産生するリンパ球を培養し、培養物中より該抗体を取得することができる。

【0181】

ヒト抗体ファージライブラリーは、ヒトB細胞から調製した抗体遺伝子をファージ遺伝子に挿入することによりFab、一本鎖抗体等の抗体断片をファージ表面に発現させたライブラリーである。該ライブラリーより、抗原を固定化した基質に対する結合活性を指標として所望の抗原結合活性を有する抗体断片を発現しているファージを回収することができる。該抗体断片は、更に遺伝子工学的手法により、完全型ヒト抗体へ変換することができる。

【0182】

ヒト抗体産生トランスジェニック動物は、ヒト抗体遺伝子が細胞内に組込まれた動物を意味する。具体的には、マウスES細胞へヒト抗体遺伝子を導入し、該ES細胞を他のマウスの初期胚へ移植後、発生させることによりヒト抗体産生トラン

スジェニック動物を作製することができる。ヒト抗体産生トランスジェニック動物からのヒト抗体の作製方法としては、通常のヒト以外の哺乳動物で行われているハイブリドーマ作製方法によりヒト抗体産生ハイブリドーマを得、培養することで培養物中にヒト抗体を産生蓄積させる方法があげられる。

【0183】

抗体断片としては、Fab、Fab'、 $F(ab')_2$ 、一本鎖抗体、dsFv、CDRを含むペプチドなどがあげられる。

Fabは、IgGを蛋白質分解酵素パパインで処理して得られる断片のうち（H鎖の224番目のアミノ酸残基で切断される）、H鎖のN末端側約半分とL鎖全体がジスルフィド結合で結合した分子量約5万の抗原結合活性を有する抗体断片である。

【0184】

本発明のFabは、本発明の蛋白質に特異的に反応する抗体を蛋白質分解酵素パパインで処理して得ることができる。また、該抗体のFabをコードするDNAを原核生物用発現ベクターあるいは真核生物用発現ベクターに挿入後、該ベクターを原核生物あるいは真核生物へ導入し、該DNAを発現させることによりFabを取得することができる。

【0185】

$F(ab')_2$ は、IgGを蛋白質分解酵素ペプシンで処理して得られる断片のうち（H鎖の234番目のアミノ酸残基で切断される）、Fabがヒンジ領域のジスルフィド結合を介して結合されたものよりやや大きい、分子量約10万の抗原結合活性を有する抗体断片である。

【0186】

本発明の $F(ab')_2$ は、本発明の蛋白質に特異的に反応する抗体を蛋白質分解酵素ペプシンで処理して得ることができる。また、該抗体の $F(ab')_2$ をコードするDNAを原核生物用発現ベクターあるいは真核生物用発現ベクターに挿入後、該ベクターを原核生物あるいは真核生物へ導入し、該DNAを発現させることにより、 $F(ab')_2$ を取得することができる。

【0187】

Fab' は、上記F(ab')₂のヒンジ領域のジスルフィド結合を切断した分子量約5万の抗原結合活性を有する抗体断片である。

本発明のFab' は、本発明の蛋白質に特異的に反応する抗体を還元剤ジチオスレイトール処理して得ることができる。また、該抗体のFab' 断片をコードするDNAを原核生物用発現ベクターあるいは真核生物用発現ベクターに挿入後、該ベクターを原核生物あるいは真核生物へ導入し、該DNAを発現させることにより、Fab' を取得することができる。

【0188】

一本鎖抗体（以下、scFvとも称す）は、一本のVHと一本のVLとを適当なペプチドリンカー（以下、Pと称す）を用いて連結した、VH-P-VLないしはVL-P-VHポリペプチドを示す。本発明で使用されるscFvに含まれるVHおよびVLは、本発明の蛋白質に特異的に反応する抗体、例えば、ヒト化抗体、ヒト抗体のいずれをも用いることができる。

【0189】

本発明の一本鎖抗体は、以下の方法により取得できる。

本発明の蛋白質に特異的に反応する抗体のVHおよびVLをコードするcDNAを取得後、一本鎖抗体をコードするDNAを構築する。該DNAを原核生物用発現ベクターあるいは真核生物用発現ベクターに挿入後、該発現ベクターを原核生物あるいは真核生物へ導入し、該DNAを発現させることにより、一本鎖抗体を取得することができる。

【0190】

ジスルフィド安定化V領域断片（以下、dsFvとも称す）は、VHおよびVL中のそれぞれ1アミノ酸残基をシステイン残基に置換したポリペプチドを該システイン残基間のジスルフィド結合を介して結合させたものをいう。システイン残基に置換するアミノ酸残基はReiterらにより示された方法 [Protein Engineering, 7, 697 (1994)] に従って、抗体の立体構造予測に基づいて選択することができる。本発明で使用されるジスルフィド安定化V領域断片に含まれるVHおよびVLは本発明の蛋白質に特異的に反応する抗体、例えば、ヒト化抗体、ヒト抗体のいずれをも用いることができる。

【0 1 9 1】

本発明のジスルフィド安定化V領域断片は、以下の方法により取得することができる。

本発明の蛋白質に特異的に反応する抗体のVHおよびVLをコードするcDNAを取得後、ジスルフィド安定化V領域断片をコードするDNAを構築する。該DNAを原核生物用発現ベクターあるいは真核生物用発現ベクターに挿入後、該発現ベクターを原核生物あるいは真核生物へ導入し、該DNAを発現させることにより、ジスルフィド安定化V領域断片を取得することができる。

【0 1 9 2】

CDRを含むペプチドは、Fmoc法、tBoc法等の化学合成法によって製造することができる。

本発明の抗体により調製された以下に述べる融合抗体は、動脈硬化の病巣へ特異的に薬剤や蛋白質を運ぶ、ドラッグデリバリーに用いることができる。

【0 1 9 3】

融合抗体は、本発明の蛋白質に特異的に反応する抗体、例えば、ヒト化抗体、ヒト抗体およびそれらの抗体断片に放射性同位元素、蛋白質、低分子の薬剤などを化学的あるいは遺伝子工学的に結合させた抗体をいう。

本発明の融合抗体は、本発明の蛋白質に特異的に反応する抗体および抗体断片のH鎖或いはL鎖のN末端側或いはC末端側、抗体および抗体断片中の適当な置換基あるいは側鎖、さらには抗体および抗体断片中の糖鎖に放射性同位元素、蛋白質あるいは低分子の薬剤などを化学的あるいは遺伝子工学的に結合させることにより製造することができる。

【0 1 9 4】

放射性同位元素としては、 ^{131}I 、 ^{125}I 等があげられ、例えば、クロラミンT法等により、抗体または抗体断片に結合させることができる。

低分子の薬剤としては、ナイトロジェン・マスタード、サイクロフォスファミドなどのアルキル化剤、5-フルオロウラシル、メソトレキセートなどの代謝拮抗剤、ダウノマイシン、ブレオマイシン、マイトマイシンC、ダウノルピシン、ドキソルピシンなどの抗生物質、ピンクリスチン、ビンブラスチン、ビンデシンの

ような植物アルカロイド、タモキシフェン、デキサメタゾンなどのホルモン剤等の抗癌剤〔臨床腫瘍学（日本臨床腫瘍研究会編 1996年 癌と化学療法社）〕、またはハイドロコチゾン、プレドニゾンなどのステロイド剤、アスピリン、インドメタシンなどの非ステロイド剤、金チオマレート、ペニシラミンなどの免疫調節剤、サイクロフォスファミド、アザチオプリンなどの免疫抑制剤、マレイン酸クロルフェニラミン、クレマシチンのような抗ヒスタミン剤等の抗炎症剤〔炎症と抗炎症療法 昭和57年 医歯薬出版株式会社〕などがあげられる。

【0195】

定法により上記抗体に低分子の薬剤を結合させることができるが、例えば、ダウノマイシンと抗体を結合させる方法としては、グルタルアルデヒドを介してダウノマイシンと抗体のアミノ基間を結合させる方法、水溶性カルボジイミドを介してダウノマイシンのアミノ基と抗体のカルボキシル基を結合させる方法等があげられる。

【0196】

蛋白質としては、免疫担当細胞を活性化するサイトカインや血管内皮、血管平滑筋等の増殖制御因子が好適であり、例えば、ヒトインターロイキン2、ヒト顆粒球-マクロファージコロニー刺激因子、ヒトマクロファージコロニー刺激因子、ヒトインターロイキン12、繊維芽細胞増殖因子-2（FGF-2）、血小板由来増殖因子（PDGF）等があげられる。また、動脈硬化巢の増殖性血管平滑筋細胞を直接障害するため、リシンやジフテリア毒素などの毒素を用いることができる。

【0197】

蛋白質との融合抗体は、以下の方法により取得できる。

抗体または抗体断片をコードするcDNAに蛋白質をコードするcDNAを連結させた後、融合抗体をコードするDNAを構築する。該DNAを原核生物あるいは真核生物用発現ベクターに挿入後、該発現ベクターを原核生物あるいは真核生物へ導入し、該DNAを発現させることにより、融合抗体を取得することができる。

【0198】

次に本発明のずり応力応答性DNAを含有するウイルスベクターを用いた遺伝

治療の方法について述べる。

上述した組換えウイルスベクターおよび遺伝子治療剤に用いる基剤を調合することにより治療剤を製造することができる [Nature Genet., 8, 42(1994)]。

【 0 1 9 9 】

遺伝子治療剤に用いる基剤としては、通常注射剤に用いる基剤であればどのようなものでもよく、~~蒸留水~~ 塩化ナトリウム又は塩化ナトリウムと無機塩との混合物等の塩溶液、マンニトール、ラクトース、デキストラン、グルコース等の溶液、グリシン、アルギニン等のアミノ酸溶液、有機酸溶液又は塩溶液とグルコース溶液との混合溶液等があげられる。また常法に従い、これらの基剤に浸透圧調整剤、pH調整剤、ゴマ油、ダイズ油等の植物油又はレシチンもしくは非イオン界面活性剤等の界面活性剤等の助剤を用いて、溶液、懸濁液、分散液として注射剤を調製してもよい。これらの注射剤を、粉末化、凍結乾燥等の操作により用時溶解用製剤として調製することもできる。本発明の遺伝子治療剤は、遺伝子治療の直前に液体の場合はそのまま、個体の場合は必要により滅菌処理をした上記の基剤に溶解して治療に使用することができる。本発明の遺伝子治療剤の投与方法としては、患者の治療部位の血管内皮に吸収されるように、ダブルバルーンカテーテル等を用いて局所的に投与する方法をあげることができる。

【 0 2 0 0 】

より特異的に動脈硬化巣にウイルスベクターを輸送する方法として、LDL受容体を特異的に認識する一本鎖抗体とレトロウイルスベクターのEnv蛋白の融合蛋白を用いる方法がSomiyaらにより報告されている [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 92, 7570-7574 (1995)]。本システムはレトロウイルスベクターに限定されず、レンチウイルスベクター等にも応用することができる。

【 0 2 0 1 】

当該分野で公知の非ウイルス遺伝子移入法には、リン酸カルシウム共沈法 [Virology, 52, 456-467 (1973); Science, 209, 1414-1422 (1980)]、マイクロインジェクション法 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 77, 5399-5403 (1980); Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 77, 7380-7384 (1980); Cell, 27, 223-231 (1981); Nature, 294, 92-94 (1981)]、リポソームを介した膜融

合-介在移入法 [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 84, 7413-7417 (1987); Biochemistry, 28, 9508-9514 (1989); J. Biol. Chem., 264, 12126-12129 (1989); Hum. Gene Ther., 3, 267-275, (1992); Science, 249, 1285-1288 (1990); Circulation, 83, 2007-2011 (1992)]あるいは直接DNA取り込みおよび受容体-媒介DNA移入法 [Science, 247, 1465-1468 (1990); J. Biol. Chem., 266, 14338-14342 (1991); Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 87, 3655-3659 (1991); J. Biol. Chem., 264, 16985-16987 (1989); BioTechniques, 11, 474-485 (1991); Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 87, 3410-3414 (1990); Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 88, 4255-4259 (1991); Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 87, 4033-4037 (1990); Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 88, 8850-8854 (1991); Hum. Gene Ther., 3, 147-154 (1991)]等をあげることができる。

【0202】

ウイルスベクターを用いる遺伝子移入は、リボソームデリバリーを用いる直接的イン・ビボ(in vivo)遺伝子移入と組み合わせることにより、動脈硬化巣にウイルスベクターを指向させることができる。

その他適当なサイズの本発明のDNAを、アデノウイルス・ヘキソン蛋白質に特異的なポリリジン-コンジュゲート抗体と組み合わせてコンプレックスを作製し、得られたコンプレックスをアデノウイルスベクターに結合させることにより、ウイルスベクターを調製することができる。該ウイルスベクターは安定に標的細胞に到達し、エンドソームにより細胞内に取り込まれ、細胞内で分解され効率的に遺伝子を発現させることができる。

【0203】

リボソームを介した膜融合-介在移入法ではリボソーム調製物を標的とする組織に直接投与することにより、当該組織の局所的な遺伝子の取り込みおよび発現が可能であることが腫瘍に関する研究において報告されている [Hum. Gene Ther. 3, 399-410 (1992)]。したがって同様の効果が動脈硬化巣でも期待される。DNAを、動脈硬化巣に直接標的化するには、遺伝子移入技術が好ましい。受容体-媒介DNA移入は、例えば、ポリリジンを介して、蛋白質リガンドにDN

A(通常、共有的に閉環したスーパーコイル化プラスミドの形態をとる)をコンジュゲートすることによって行う。リガンドは、標的細胞または組織の細胞表面上の対応するリガンド受容体の存在に基づいて選択する。受容体とリガンドの組み合わせとしては、例えばLDL受容体とLDL、スカベンジャー受容体と酸化LDLの組み合わせが包含される。当該リガンド-DNAコンジュゲートは、所望により、血液に直接注射することができ、受容体結合およびDNA-蛋白質コンプレックスの内在化が起こる標的組織に指向し得る。DNAの細胞内破壊を防止するために、アデノウイルスを同時感染させて、エンドソーム機能を崩壊させることもできる。

【0204】

以下に、本発明のずり応力応答性DNAを特異的に認識する抗体を用いた治療方法について説明する。

本発明の抗体を含有する医薬は、治療薬として単独で投与することも可能ではあるが、通常は薬理学的に許容される一つあるいはそれ以上の担体と一緒に混合し、製剤学の技術分野においてよく知られる任意の方法により製造した医薬製剤として提供するのが望ましい。

【0205】

投与経路は、治療に際して最も効果的なものを使用するのが望ましく、経口投与、または口腔内、気道内、直腸内、皮下、筋肉内および静脈内等の非経口投与をあげることができ、抗体製剤の場合、望ましくは静脈内投与をあげることができる。

【0206】

投与形態としては、噴霧剤、カプセル剤、錠剤、顆粒剤、シロップ剤、乳剤、座剤、注射剤、軟膏、テープ剤等があげられる。

経口投与に適当な製剤としては、乳剤、シロップ剤、カプセル剤、錠剤、散剤、顆粒剤等があげられる。

【0207】

乳剤およびシロップ剤のような液体調製物は、水、ショ糖、ソルビトール、果糖等の糖類、ポリエチレングリコール、プロピレングリコール等のグリコール類

、ごま油、オリーブ油、大豆油等の油類、p-ヒドロキシ安息香酸エステル類等の防腐剤、ストロベリーフレーバー、ペパーミント等のフレーバー類等を添加剤として用いて製造できる。

【0208】

カプセル剤、錠剤、散剤、顆粒剤等は、乳糖、ブドウ糖、ショ糖、マンニトール等の賦形剤、デンプン、アルギン酸ナトリウム等の崩壊剤、ステアリン酸マグネシウム、タルク等の滑沢剤、ポリビニルアルコール、ヒドロキシプロピルセルロース、ゼラチン等の結合剤、脂肪酸エステル等の界面活性剤、グリセリン等の可塑剤等を添加剤として用いて製造できる。

【0209】

非経口投与に適当な製剤としては、注射剤、座剤、噴霧剤等があげられる。注射剤は、塩溶液、ブドウ糖溶液、あるいは両者の混合物からなる担体等を用いて調製される。または、本発明の抗体を常法に従って凍結乾燥し、これに塩化ナトリウムを加えることによって粉末注射剤を調製することもできる。座剤はカカオ脂、水素化脂肪またはカルボン酸等の担体を用いて調製される。

【0210】

また、噴霧剤は本発明の抗体そのもの、ないしは受容者の口腔および気道粘膜を刺激せず、かつ本発明の抗体を微細な粒子として分散させ吸収を容易にさせる担体等を用いて調製される。

担体として具体的には乳糖、グリセリン等が例示される。本発明の抗体および用いる担体の性質により、エアロゾル、ドライパウダー等の製剤が可能である。また、これらの非経口剤においても経口剤で添加剤として例示した成分を添加することもできる。

【0211】

投与量または投与回数は、目的とする治療効果、投与方法、治療期間、年齢、体重等により異なるが、通常成人1日当たり $10\mu\text{g}/\text{kg} \sim 20\text{mg}/\text{kg}$ である。

以下に実施例をあげて、本発明を具体的に示す。

【実施例】

【0212】

実施例1

ずり応力を負荷させたHUVECからのcDNAライブラリーの作製

(1) HUVECの培養

10%ウシ胎児血清、1%ペニシリン(5,000単位/ml)・ストレプトマイシン(5mg/ml)溶液(Life Technologies社製)、0.003%のEndothelial Cell Growth Supplement(Becton Dickinson社製)、0.01%のヘパリン(和光純薬社製)、および0.14%のNaHCO₃(Life Technologies社製)を含むF-12K培地(大日本製薬社製)を用い、5%CO₂、37℃の条件で、HUVECの培養および継代を行った。HUVECはClonetics社から購入したものを用了。

【0213】

(2) HUVECへのずり応力負荷

10mlのPBS緩衝液に懸濁した0.2gのマイクロキャリア(Cytodex3:Amersham Pharmacia Biotech社製)を50mlの滅菌チューブに移し、室温で1,000rpm、3分間遠心分離後、上澄みを除き、F12K培地を加えた。再度遠心分離して上澄みを除き、培地を加えて約10mlとした。

【0214】

上記(1)での培養で得られたHUVECをトリプシン/EDTAで剥がし、約 2×10^6 個のHUVECを10mlの培地に懸濁し、上述のマイクロキャリアと混合した。これを200ml容のスピンナーフラスコに移し、培地を15ml加えて総容量を約35mlとした。50~60rpmで30秒間攪拌し、その後1時間静置した。該攪拌、静置操作を4回繰り返すことによりHUVECをマイクロキャリアに接着させた。160rpmで一定時間攪拌することで、細胞にずり応力を負荷した。

【0215】

(3) RNAの調製

上記(2)の方法で、ずり応力を0.5時間、1時間、1.5時間、2時間、3時間、4時間、6時間、10時間、20時間負荷させたHUV ECを、それぞれ 1.6×10^7 ずつ調製した。これらの細胞から、チオシアン酸グアニジントリフルオロ酢酸セシウム法 [Methods in Enzymology, 154, 3 (1987)] により、全RNAを調製した。ずり応力負荷時間の異なる、上記9種のサンプルについて、全RNA100 μ gずつを混合し900 μ gとした。全RNA900 μ gをオリゴdTセルロースカラム (Collaborative Research社製) に通過させることにより、ポリ(A)⁺RNAとしてmRNA30.9 μ gを取得した。

【0216】

(4) cDNAライブラリーの作製

上記(3)で取得したmRNA3.0 μ gを用いて、リンカープライマー法 [「遺伝子ライブラリーの作製法」野島博編] に従いcDNA合成、BamHIアダプターの付加、NotIによる切断反応を行った。得られた2本鎖cDNAを、プラスミドベクターpAP3neo [Genes to Cells, 3, 459 (1998)] のBglII/NotI間にライゲーションすることにより、cDNAの5'端が常にベクターのBglIIサイト側にあるようにした。得られたライゲーション反応液を用い、該プラスミドを大腸菌MC1061A [モレキュラー・クローニング 第2版] にエレクトロポレーション法により導入し、cDNAライブラリーを作製した。

【0217】

実施例2

サブトラクションライブラリーの作製

(1) 一本鎖DNAの調製

実施例1においてMC1061A内で増幅させて得られたcDNAライブラリーのプラスミド2 μ gを、エレクトロポレーション法により大腸菌XL1-B1ue MRF' (Stratagene社製) に導入した。4.5mlのSOC培地 [モレキュラー・クローニング 第2版] 中、37℃で1時間激しく振とう

培養した後、培養液全てを、 $50\mu\text{g}/\text{ml}$ のアンピシリンを含むLB培地〔モレキュラー・クローニング 第2版〕 5.5ml に加えた。 37°C で5時間激しく振とう培養した後、培養液 5ml をアンピシリンを含む 45ml の $2\times\text{YT}$ 培地〔モレキュラー・クローニング 第2版〕に植菌し、ここに $1\times 10^{11}\text{pfu}$ のヘルパーファージR408〔Gene, 45, 333 (1986)〕を加えた。 37°C で12時間激しく振とう培養した後、培養液を滅菌チューブに移し、 4°C で10,000rpm、10分間遠心分離して大腸菌を沈殿させた。ファージを含む上澄みを新しい滅菌チューブに移し、再度遠心分離した。上澄みを孔径 $0.22\mu\text{m}$ の滅菌フィルター (Millipore社製)に通し、大腸菌を完全に除いた。 25ml のファージ液あたり、 $10\times\text{DNase}$ 緩衝液 [100mM Tris-HCl (pH7.5)、 100mM MgCl_2] 2.5ml 、 $20\text{単位}/\mu\text{l}$ のDNase I (ニッポンジーン社製) $1\mu\text{l}$ を添加し、 37°C で30分間反応させた。ここに1/4容の20%ポリエチレングリコール (分子量6,000) / 2.5M NaCl を加えてよく混合し、室温に20分間静置した。 4°C で10,000rpm、10分間遠心分離し、上澄みを完全に除いた。得られたファージの沈殿を、 $400\mu\text{l}$ のTE [10mM Tris-HCl (pH8.0)、 1mM EDTA (pH8.0)]に溶解し、 $25\text{mg}/\text{ml}$ のProteinase Kを $25\mu\text{l}$ 、10%SDSを $4\mu\text{l}$ 加えて 42°C で1時間反応させた。フェノール処理、フェノール・クロロホルム処理、クロロホルム処理の後、エタノール沈殿を行った。得られたファージ1本鎖DNAの沈殿は、 $30\mu\text{l}$ のTEに溶解させた。

【0218】

(2) RNAのビオチン化

ずり応力を負荷していない、すなわちマイクロキャリアに接着させただけのH UVECから、実施例1と同様の方法によりポリ(A)⁺RNAを調製した。このRNA $30\mu\text{g}$ に蒸留水を加えて $20\mu\text{l}$ とし、ここに $1\mu\text{g}/\mu\text{l}$ のPHOTOPROBE biotin (Vector Laboratories社製) $30\mu\text{l}$ を暗所で加えた。チューブの蓋を開けて氷上に置き、約10cmの高さから水銀ランプを20分間照射してビオチン化を行った後、 $50\mu\text{l}$ の10

0 mM Tris · HCl (pH 9.5) / 1 mM EDTA (pH 8.0) を加えた。ここに100 μ lの水飽和ブタノールを加え、激しく攪拌した。4℃で14,000 rpm、5分間遠心分離後、上層のブタノール層を除いた。この操作をあと2回繰り返した。水層に100 μ lのクロロホルムを加えて激しく攪拌し、4℃で14,000 rpm、5分間遠心分離後、水層を新しいチューブに移した。この操作を再度繰り返した後、エタノール沈殿を行った。回収されたRNAの沈殿を20 μ lの蒸留水に溶解させ、ビオチン化の操作を繰り返した。ビオチン化したRNAは、ハイブリダイゼーションまでエタノール沈殿の状態での-80℃に保存した。

【0219】

(3) 1本鎖DNAとRNAのハイブリダイゼーション

(2)で調製したビオチン化RNA 20 μ gを4℃、14,000 rpm、15分間の遠心分離で回収し、8 μ lの蒸留水に溶解した。ここに、2×反应用緩衝液 [80%ホルムアミド、100 mM HEPES (pH 7.5)、2 mM EDTA (pH 8.0)、0.2% SDS] 12.5 μ l、2.5 M NaClを2.5 μ l、1 μ g/ μ lのポリ(A) (Amersham Pharmacia Biotech社製)を1 μ l、および(1)で調製した、ずり応力を負荷したHUVEC由来のcDNAライブラリーの1本鎖DNAを1 μ l (0.5 μ g/ μ l) 加え、総容量を25 μ lとした。65℃で10分間加熱した後、速やかに42℃のヒートブロックに移した。2晩、42℃で保温して、ハイブリダイゼーションを行った。

【0220】

(4) サブトラクション、再ハイブリダイゼーション

ハイブリダイゼーションの終了した反応液に400 μ lの緩衝液 [500 mM NaCl、50 mM HEPES (pH 7.5)、2 mM EDTA (pH 8.0)]を加え、ここに2 μ g/ μ lのストレプトアビジン (Life Technologies社製) 5 μ lを加えて混合した。室温に5分間置いた後、フェノール・クロロホルム処理を行った。水層を新しいチューブに移し、新たに5 μ lのストレプトアビジンを加えた。室温に5分間置いた後、フェノール・クロ

ロホルム処理を2回、クロロホルム処理を1回行うことで、サブトラクションを行った。水層をミリポアフィルターUFCP3TK50 (Millipore社製)の上室にのせ、溶液が全て下室に流れ落ちるまで4℃、10,000rpmで遠心分離した。下室の溶液を除き、上室に300 μ lのTEを加え遠心分離することでフィルターを洗浄した。この操作を繰り返した後、フィルターに捕獲された1本鎖DNAを30 μ lの1/10TEで回収した。

【0221】

これを真空乾燥させ、蒸留水を加えて9 μ lとした。(2)で調製したビオチン化RNA10 μ gをエタノール沈殿させた後遠心分離して回収し、沈殿に上記1本鎖DNA溶液9 μ lを加えた。ここに12.5 μ lの2 \times 反応緩衝液、2.5 μ lの2.5M NaCl、1 μ lのポリ(A)を加え、(3)と同様にして2回目のハイブリダイゼーションを行った後、上述した方法でサブトラクションを行った。以下、同様に1本鎖DNAを回収し、10 μ gのビオチン化RNAとハイブリダイズさせて3回目のサブトラクションを、5 μ gのビオチン化RNAを用い4回目のサブトラクションを行った。

【0222】

(5) 2本鎖DNAの合成、大腸菌への導入

上記のように4回連続してサブトラクションを行った後、得られた1本鎖DNAを30 μ lの1/10TEに回収した。このうち15 μ lに、蒸留水14 μ l、2 μ g/ μ lの配列番号159記載の塩基配列を有するプライマー伸長用プライマー1 μ lを加え、65℃で10分間加熱した。室温に5分間置いてプライマーを1本鎖DNAにアニーリングさせた後、10 \times 反応緩衝液(BcaBEST Dideoxy Sequencing Kitに添付のもの、宝酒造社製)5 μ l、1mM dNTP混合液10 μ l、3 μ g/ μ lの1本鎖DNA結合タンパク質(USB社製)0.5 μ l、2単位/ μ lのBcaBEST DNA polymerase(宝酒造社製)2 μ l、蒸留水2.5 μ lを加えた。65℃で1時間反応させ、2本鎖DNAを合成した。該反応液に50 μ lの蒸留水を加え、フェノール・クロロホルム処理、クロロホルム処理を行った。ミリポアフィルターUFCP3TK50を用いて溶液を濃縮し、最終的に20 μ lのTEで

2本鎖DNAを溶解した。このうち1/5量を用い、大腸菌MC1061Aにエレクトロポレーション法により該2本鎖DNAを導入した。

【0223】

(6) リバースサブトラクション

(5) において得られた2本鎖DNAを導入した大腸菌MC1061Aを培養し、該大腸菌からプラスミドDNAを調製した。これを(1)の場合と同様にして大腸菌XL1-Blue MRF' に導入し、1本鎖DNAを調製した。

【0224】

ずり応力を負荷したHUVEC由来のmRNA 2 μ gを(2)の方法にしたがってビオチン化し、上述の1本鎖DNA 2 μ gと混合した。ここに2×反应用緩衝液12.5 μ l、2.5M NaClを2.5 μ l、1 μ g/ μ lのポリ(A)を1 μ l、および蒸留水を加え、総容量を25 μ lとした。(3)の場合と同様、42℃で2晩、ハイブリダイゼーションを行った。400 μ lの緩衝液[500mM NaCl、50mM HEPES (pH 7.5)、2mM EDTA (pH 8.0)]を加え、ここに2 μ g/ μ lのストレプトアビジン7 μ lを加えて混合した。室温に5分間置いた後、フェノール・クロロホルムを加え、激しく混合した。室温で14,000rpm、7分間遠心分離後、水層を除いた。ここに新たに400 μ lのTEを加えて激しく混合し、室温で14,000rpm、7分間遠心分離後、水層を除いた。この操作をあと2回繰り返すことで、ビオチン化RNAとハイブリダイズしなかった1本鎖DNAを除去した。

【0225】

400 μ lのTEを加え、混合はせずにチューブの蓋を開けた状態で95℃、5分間加熱した。この後、氷上に5分間置いて変性させることで、フェノール・クロロホルム層にあった、ビオチン化RNAとハイブリダイズしていた1本鎖DNAをビオチン化RNAから外した。激しく混合して室温で14,000rpm、7分間遠心分離後、水層を新しいチューブに移した。再度フェノール・クロロホルム処理を行った後、クロロホルム処理を行った。1本鎖DNAを含む水層をミリポアフィルターUFCP3TK50を用いて濃縮し、最終的に30 μ lの1/10TEで1本鎖DNAを回収した。このうち15 μ lを真空乾燥させ、蒸留

水を加えて $9\mu\text{l}$ とした。ずり応力を負荷していない HUVEC 由来の mRNA $5\mu\text{g}$ をビオチン化し、エタノール沈殿により回収し、沈殿に上記 1 本鎖 DNA 溶液 $9\mu\text{l}$ を加えた。ここに $12.5\mu\text{l}$ の 2 \times 反応用緩衝液、 $2.5\mu\text{l}$ の 2.5M NaCl 、 $1\mu\text{l}$ のポリ (A) を加え、(3)、(4) と同様にして通常のサブトラクションを行った。

【0226】

すなわち、4 回連続してサブトラクションを行い、リバーササブトラクションを 1 回、さらに通常のサブトラクションを 1 回行うことで、HUVEC においてずり応力負荷に伴い発現上昇する遺伝子が濃縮されたサブトラクションライブラリーを作製した。

【0227】

実施例 3

ノーザンハイブリダイゼーションによる発現変動クローンの取得

実施例 2 で得られたサブトラクションライブラリー中に含まれる、ずり応力依存的に発現上昇するクローンを選択するため、ノーザンハイブリダイゼーションを行った。

【0228】

(1) RNA のメンブレンへの転写

ずり応力を負荷した HUVEC、あるいは負荷しない HUVEC から実施例 1 と同様の方法により得られた全 RNA $4\mu\text{g}$ に、それぞれ蒸留水を加え $1.8\mu\text{l}$ とした。ここに $10\times\text{MOPS}$ 緩衝液 [80mM 酢酸ナトリウム、 197mM MOPS、 10mM EDTA (pH 8.0)] $0.8\mu\text{l}$ 、 35% ホルムアルデヒド溶液 (ナカライテスク社製) $1.4\mu\text{l}$ 、脱イオン化ホルムアミド $4\mu\text{l}$ を加えた。 65°C で 15 分間加熱した後、氷上に 5 分間置いて急冷し、全量を $1\times\text{MOPS}$ / 2% ホルムアルデヒド / 1% アガロースゲルで電気泳動した。泳動終了後、ゲルを蒸留水で 20 分間ずつ 3 回洗うことによりゲルからホルムアルデヒドを除いた。 $20\times\text{SSC}$ [3M NaCl 、 0.3M クエン酸ナトリウム] に 30 分間浸した後、 $20\times\text{SSC}$ を用いたキャピラリートランスファー

法により、ゲル中のRNAをナイロンメンブレンBiodyne A (Pall BioSupport社製) に転写した。転写終了後、メンブレンを80℃で2時間置くことにより、RNAをメンブレンに固定した。

【0229】

(2) プローブのラベル化

実施例2で得られたサブトラクションライブラリー中、挿入DNA断片が、4 kb以上であるクローンについて、プラスミドをSma IとNot Iで切断し、挿入DNA断片を切り出した。断片の精製にはQIAquick Gel Extraction Kit (QIAGEN社製) を用い、方法はキットに添付のマニュアルに従った。精製したDNA断片50 ng程度を鋳型とし、Random Primer DNA Labeling Kit Ver. 2 (宝酒造社製)、および $[\alpha\text{-}^{32}\text{P}]\text{dCTP}$ (110 TBq/mmol; Amersham Pharmacia Biotech社製) を用いて該DNA断片をラベルし、プローブとして用いた。方法はキットに添付のマニュアルに従った。

【0230】

(3) ハイブリダイゼーション、オートラジオグラフィ

(1) で作製したメンブレンをハイブリバッグに入れ、直前に調製したハイブリダイゼーション液 [50%ホルムアミド、5×Denhardt's、5×SSC、0.1% SDS、変性サケDNA (0.1 mg/ml)] を加えた。

【0231】

42℃で2時間以上保温し、プレハイブリダイゼーションを行った。(2) で調製したプローブを95℃で5分間加熱後、急冷し、変性させた。これをハイブリダイゼーション液と混合し、プレハイブリダイゼーションの終了したメンブレンに加えた。42℃で24時間以上保温し、ハイブリダイゼーションを行った。

【0232】

メンブレンをハイブリバッグから取り出し、2×SSC/0.1% SDS中、室温で10分間ゆっくりと振とうしてハイブリダイゼーション液をできるだけ除いた。次に0.15×SSC/0.1% SDS中、42℃で30分間ずつ2回洗浄した。洗浄操作の終了したメンブレンをX線フィルムに感光させ、オートラジ

オグラフィーを行った。全部で1026個のクローンの各々をA4RS-1～A4RS-1026と名付け、各々のクローンについてノーザンハイブリダイゼーションを行い、107個のずり応力依存的に発現が上昇するクローンを得た。

【0233】

実施例 4

発現変動クローンの同定

(1) 塩基配列の決定

実施例 3 においてずり応力負荷により発現が上昇することが確認されたクローンに関して、377 DNA シークエンサー (Perkin Elmer 社製) を用いて塩基配列の決定を行なった。塩基配列の決定は、Perkin Elmer 社のダイプライマーサイクルシークエンシングキットを用いた。方法はキットに添付のマニュアルに従った。得られた塩基配列をデータベース GenBank と比較することで、発現変動クローンの同定を行った。その結果、107 個のクローンは 88 種類の遺伝子に分類された。88 種類の中には、血管内皮細胞においてずり応力刺激により発現誘導されることが報告されている 5 種類の遺伝子、*endothelin-1*、*monocyte chemotactic protein-1*、*heparin-binding EGF-like growth factor*、*thrombomodulin*、*transforming growth factor- β* をコードする遺伝子が含まれていた。したがって、血管内皮細胞においてずり応力刺激により発現誘導されることがこれまで報告されていない 83 種類の遺伝子を同定することができた。これらのうち、既知遺伝子は 55 種類であり、28 種類は新規遺伝子であった。公知の配列中に一致する完全長 cDNA が存在せず *expressed sequence tag* (EST) とのみ一致するもの、あるいは公知の配列中に一致する配列が全くないもの、すなわち新規遺伝子に関しては、相当する UniGene に含まれる EST を全て連結させ、出来るだけ長い配列をコンピュータ上で作製した。新規遺伝子中 8 種類については、後述する実施例 5 において λ ファージベクターで作製した cDNA ライブラリーから完全長 cDNA をクローン化した。

【0234】

(2) ずり応力依存的発現上昇を示す既知遺伝子

A4RS-016の塩基配列を決定したところ、これはthioredoxin reductaseの配列 [Accession: X91247] (配列番号1) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号2に示した。thioredoxin reductaseは、NADPHを用いthioredoxinを還元する酵素であり、細胞内抗酸化制御、シグナル伝達、NO産生など、様々な生理的反応に参与する。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル1と図3のパネル1に示した。

【0235】

A4RS-026の塩基配列を決定したところ、これはlipopolysaccharide-induced protein geneの配列 [Accession: Q51544] (配列番号3) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号4に示した。この遺伝子がコードするタンパク質は、他の既知のタンパク質と顕著な相同性を示さず、機能も未知である。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル2に示した。

【0236】

A4RS-040の塩基配列を決定したところ、これはspliceosome-associated protein (SAP145) の配列 [Accession: U41371] (配列番号5) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号6に示した。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル3に示した。

【0237】

A4RS-041の塩基配列を決定したところ、これはhuman proline-rich membrane protein (PRMP) の配列 [Accession: V50494] (配列番号7) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号8に示した。PRMPは配列のみデータベースに登録されておりその機能は不明であるが、ラットneural membrane protein 35 (NMP35) [Molecular and Cellular Neuroscience, 11,

260 (1998)]、NMDA受容体のグルタミン酸結合サブユニット [Accession: W62612] と顕著な相同性を示す。NMP 35 は、その機能は明らかにされていないが、NMDA受容体のグルタミン酸結合サブユニットと同様、脳特異的に発現しており、アミノ酸配列から推定される親水性の解析から膜蛋白質と推定されている。RPMP もまた、極めて疎水性が高いことから、膜蛋白質として機能すると考えられる。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図 1 のパネル 4 と図 3 のパネル 2 に示した。

【0238】

A4RS-063 の塩基配列を決定したところ、これは *puromycin-sensitive aminopeptidase* の配列 [Accession: AJ132583] (配列番号 9) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号 10 に示した。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図 1 のパネル 5 と図 3 のパネル 3 に示した。

【0239】

A4RS-096 の塩基配列を決定したところ、これは *human secreted protein gene 125 clone HSPAG15* の配列 [Accession: V59635] (配列番号 11) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号 12 に示した。この遺伝子は配列のみバンクに登録されており、その機能は未知である。この遺伝子がコードするタンパク質は、他の既知のタンパク質と顕著な相同性を示さない。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図 1 のパネル 6 と図 3 のパネル 4 に示した。

【0240】

A4RS-116 の塩基配列を決定したところ、これは *lamin C* の配列 [Accession: M13451] (配列番号 13) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号 14 に示した。*lamin C* は、核膜の裏打ち蛋白質であり、細胞骨格形成因子のひとつである。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図 1 のパネル 7、図 3 のパネル 5 に示した。

【0241】

A4RS-126 の塩基配列を決定したところ、これは *cytokine-r*

e s p o n s e g e n e C R 8 の配列 [Accession: T43383] (配列番号 15) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号 16 に示した。c y t o k i n e - r e s p o n s e g e n e C R 8 は、別名 D E C 1 ともいい、b a s i c h e l i x - l o o p - h e l i x モチーフを有する転写因子である。特に、神経分化に関与する H E S ファミリーの転写因子群と相同性が高い。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図 1 のパネル 8 に示した。

【0242】

A 4 R S - 1 3 1 の塩基配列を決定したところ、これは h u m a n e n h a n c e r o f f i l a m e n t a t i o n (H E F 1) の配列 [Accession: L43821] (配列番号 17) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号 18 に示した。H E F 1 は、S H 3 ドメインを有し F A K と結合する活性を持つ、細胞骨格制御に関与するシグナル伝達分子である。

【0243】

ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図 1 のパネル 9 に示した。

A 4 R S - 1 4 8 の塩基配列を決定したところ、これは i n t e r f e r o n - i n d u c e d 1 5 - k D a p r o t e i n g e n e の配列 [Accession: M21786] (配列番号 19) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号 20 に示した。この遺伝子がコードするタンパク質は、他の既知のタンパク質と顕著な相同性を示さず、機能も未知である。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図 1 のパネル 10 に示した。

【0244】

A 4 R S - 1 5 4 の塩基配列を決定したところ、これは L D L 受容体の配列 [Accession: N60388] (配列番号 21) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号 22 に示した。L D L 受容体は、動脈硬化病変形成の原因のひとつである L D L を内皮下に取り込む。培養ウシ大動脈内皮細胞にずり応力を負荷することで、L D L 受容体を介した L D L の結合、取り込みが増加することが報告されている [Circulation, 76, 648 (1987)]。ずり応力依存的発

現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル11に示した。

【0245】

A4RS-174の塩基配列を決定したところ、これは *peripheral myelin protein* (PMP)-22の配列 [Accession: Q32869] (配列番号23) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号24に示した。PMP-22は末梢神経系に存在するミエリンの構成因子であり、4つの膜貫通ドメインを有する膜タンパク質である。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル12に示した。

【0246】

A4RS-175の塩基配列を決定したところ、これはチロシンキナーゼ (*tyrosine kinase*) 受容体UFO/Arkの配列 [Accession: S65125] (配列番号25) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号26に示した。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル13に示した。

【0247】

A4RS-194の塩基配列を決定したところ、これは *calcium-ATPase HK2* の配列 [Accession: M23115] (配列番号27) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号28に示した。 *calcium-ATPase HK2* は、細胞内の小胞体膜に存在する。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル14に示した。

【0248】

A4RS-197の塩基配列を決定したところ、これは *human arginine-rich protein* の配列 [Accession: M83751] (配列番号29) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号30に示した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列は、他の既知のタンパク質と顕著な相同性を示さず、その機能は未知であるが、原癌遺伝子の一種である可能性が示唆されている。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル15に示した。

【0249】

A4RS-260の塩基配列を決定したところ、これはKIAA0025の配列 [Accession: D14695] (配列番号31) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号32に示した。この遺伝子がコードするタンパク質は、他の既知のタンパク質と顕著な相同性を示さず、機能も未知である。

【0250】

ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル16、図3のパネル6に示した。

A4RS-271の塩基配列を決定したところ、これはhuman high-mobility group phosphoprotein isoform I-C (HMG I-C) の配列 [Accession: U28749] (配列番号33) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号34に示した。HMG I-Cはその構造から転写因子であると考えられている。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル17、図3のパネル7に示した。

【0251】

A4RS-307の塩基配列を決定したところ、これはPRAD1の配列 [Accession: X59798] (配列番号35) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号36に示した。PRAD1はcyclinファミリーの一種でcyclin D1とも呼ばれる。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル18、図3のパネル8に示した。

【0252】

A4RS-355の塩基配列を決定したところ、これはKIAA0964の配列 [Accession: AB023181] (配列番号37) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号38に示した。この遺伝子がコードするタンパク質は、ラットPSD-95/SAP90-associated protein-4 (SAPAP-4) のヒトオースログと判断される。SAPAP-4は膜に存在し、NMDA受容体のクラスターリングに関与すると考えられている。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル19に示した。

【0253】

A4RS-389の塩基配列を決定したところ、これはlamin Aの配列 [Accession: M13452] (配列番号39)と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号40に示した。lamin Aは、核膜の裏打ち蛋白質であり、細胞骨格形成因子のひとつである。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル20、図3A4RS-391の塩基配列を決定したところ、これはnon-muscle alpha actininの配列 [Accession: U48734] (配列番号41)と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号42に示した。alpha actininは、細胞骨格形成因子のひとつである。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル21、図3のパネル10に示した。

【0254】

A4RS-423の塩基配列を決定したところ、これはgamma-filaminの配列 [Accession: AF089841] (配列番号43)と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号44に示した。gamma-filaminはactin filament crosslinking proteinであり、rac、rhoなどの低分子量GTP結合タンパク質と結合することでfilopodia形成に参与する。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル22に示した。

【0255】

A4RS-431の塩基配列を決定したところ、これはgrowth factor inducible immediate early gene product CYR61の配列 [Accession: U62015] (配列番号45)と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号46に示した。

【0256】

CYR61は、別名gig1、monocyte mature differentiation factor、connective tissue growth factor-2とも呼ばれ、アミノ末端にシグナル配列を有する分泌因子である。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル23に示した。

【0257】

A4RS-453の塩基配列を決定したところ、これはnuclear factor of activated T cells (NF-ATc)の配列 [Accession: U08015] (配列番号47)と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号48に示した。NF-ATcは転写因子の構成因子のひとつである。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル24に示した。

【0258】

A4RS-492の塩基配列を決定したところ、これはGLI Kruppel-related proteinの配列 [Accession: M77698] (配列番号49)と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号50に示した。GLI-Kruppel-related proteinは、別名YY1とも呼ばれ、抑制的に機能する転写因子である。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル25に示した。

【0259】

A4RS-507の塩基配列を決定したところ、これはhuman mRNA homologous to the p64 bovine chloride channelの配列 [Accession: Y12696] (配列番号51)と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号52に示した。この遺伝子は配列のみが報告されており、機能は明らかでない。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル26に示した。

【0260】

A4RS-514の塩基配列を決定したところ、これはKIAA0080の配列 [Accession: D38522] (配列番号53)と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号54に示した。この遺伝子がコードするタンパク質は、膜タンパク質であるラットsynaptotagmin XIのヒトオースログと判断される。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル27に示した。

【0261】

A4RS-523の塩基配列を決定したところ、これはnicotinamide N-methyltransferaseの配列 [Accession: U08021] (配列番号55) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号56に示した。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル28に示した。

【0262】

A4RS-544の塩基配列を決定したところ、これはH. sapiens mRNA for surface glycoproteinの配列 [Accession: Z50022] (配列番号57) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号58に示した。この遺伝子がコードするタンパク質はI型の膜タンパク質である。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル29に示した。

【0263】

A4RS-547の塩基配列を決定したところ、これはearly growth response gene alpha (EGR-alpha) の配列 [Accession: S81439] (配列番号59) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号60に示した。EGR-alphaは転写因子であり、そのホモログのEGR-1は内皮細胞においてずり応力により活性化することが報告されている [Arterioscler. Thromb. Vasc. Biol., 17, 2280, (1997)]。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル30に示した。

【0264】

A4RS-557の塩基配列を決定したところ、これはSF2p33の配列 [Accession: M69040] (配列番号61) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号62に示した。SF2p33は核内因子であり、pre-mRNAのスプライシングに必須である。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル31に示した。

【0265】

A4RS-577の塩基配列を決定したところ、これはp66 shcの配列

[Accession: U73377] (配列番号63)と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号64に示した。shcはチロシンキナーゼからの刺激をrasへ伝達する、シグナル伝達分子である。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル32に示した。

【0266】

A4RS-588の塩基配列を決定したところ、これはlysosomal acid lipase (LAL)の配列[Accession: M74775] (配列番号65)と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号66に示した。LALは別名cholesteryl esteraseで、細胞内に取り込まれたcholesteryl esterを加水分解する酵素である。

【0267】

この遺伝子が欠損するとcholesteryl ester storage diseaseとなり動脈硬化の原因となる。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル33に示した。

A4RS-602の塩基配列を決定したところ、これはN^G, N^G-dimethylarginine dimethylaminohydrolase (DDAH)の配列[Accession: AB001915] (配列番号67)と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号68に示した。DDAHはN^G-monomethyl-L-arginine (MMA)とN^G, N^G-dimethyl-L-arginine (DMA)をcitrullinに加水分解する。MMAとDMAはNO合成酵素の基質アナログであることから、NOの合成を阻害する。すなわち、DDAHはNO合成を間接的に誘導する。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル34、図3のパネル11に示した。

【0268】

A4RS-608の塩基配列を決定したところ、これはserum deprivation response (SDPR)の配列[Accession: AF085481] (配列番号69)と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号70に示した。ヒトSDPRは配列が登録されているのみであるが、マウスオ

ーソログであるsdrは、NIH3T3において血清飢餓により誘導発現することが報告されている。しかし、その機能は未知である。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル35に示した。

【0269】

A4RS-612の塩基配列を決定したところ、これはregulator of G protein signaling (RGS3)の配列 [Accession: U27655] (配列番号71)と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号72に示した。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1パネル36に示した。

【0270】

A4RS-625の塩基配列を決定したところ、これはcytokine-inducible nuclear protein C-193の配列 [Accession: X83703] (配列番号73)と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号74に示した。この遺伝子は内皮細胞においてTNF- α 、LPSなどの炎症刺激に伴って発現する。この遺伝子がコードするアミノ酸配列は、他の既知のタンパク質と顕著な相同性を示さないが、核内因子であることは証明されている。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル37に示した。

【0271】

A4RS-666の塩基配列を決定したところ、これはlaminin B1 chainの配列 [Accession: M61916] (配列番号75)と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号76に示した。laminin B1 chainは糖タンパク質であり、細胞外マトリクス的一种である。

【0272】

ウシ動脈内皮細胞において、ずり応力負荷によるlamininタンパク質の増加が報告されている [Laboratory Investigation, 73, 565 (1995)]。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図1のパネル38に示した。

A4RS-668の塩基配列を決定したところ、これはmatrix Gla protein (MGP)の配列 [Accession: M58549] (配列番号77)と

一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号 78 に示した。

【0273】

MGP は細胞外マトリクス的一种であり、この遺伝子のノックアウトマウスは動脈と軟骨での石灰化が生じ致死になることが報告されている [Nature, 386, 78 (1997)]。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図 1 のパネル 39 に示した。

【0274】

A4RS-674 の塩基配列を決定したところ、これは PTX3 (配列番号 79) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号 80 に示した。PTX3 は pentraxin ファミリー的一种であり、アミノ末端にシグナル配列を有する分泌因子である。血管内皮細胞、単球において、IL-1 や TNF- α などの炎症性刺激により発現することが報告されている。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図 1 のパネル 40 に示した。

【0275】

A4RS-682 の塩基配列を決定したところ、これは connective tissue growth factor の配列 [Accession: X78947] (配列番号 81) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号 82 に示した。connective tissue growth factor は、アミノ末端側にシグナル配列を有する分泌因子であり、発達した動脈硬化巣での発現が報告されている [Circulation, 95, 831 (1997)]。

【0276】

ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図 1 のパネル 41 に示した。

A4RS-751 の塩基配列を決定したところ、これは FLI-1 の配列 [Accession: Q50644] (配列番号 83) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号 84 に示した。FLI-1 は、ERGB と呼ばれ、ETS ファミリーに属する転写因子である。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図 2 のパネル 42 に示した。

【0277】

A4RS-781の塩基配列を決定したところ、これはHLA-Eの配列 [Accession: X5684 1] (配列番号85) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号86に示した。HLA-EはMHC class Iタンパク質の一種である。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル43に示した。

【0278】

A4RS-784の塩基配列を決定したところ、これはplasminogen activator inhibitor (PAI) の配列 [Accession: M16006] (配列番号87) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号88に示した。PAIは、plasminogen activator と拮抗的に働く。ずり応力負荷によりその発現が減少するという報告がある [Blood, 87, 2314 (1996)]。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル44、図3のパネル12に示した。

【0279】

A4RS-817の塩基配列を決定したところ、これはkeratin 18の配列 [Accession: M26326] (配列番号89) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号90に示した。keratin 18は中間フィラメントの一種である。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル45に示した。

【0280】

A4RS-818の塩基配列を決定したところ、これはhuman secreted protein gene 5 clone HELDY41の配列 [Accession: V34315] (配列番号91) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号92に示した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列は、human hedgehog interacting protein [Accession: W565 38] の部分配列と一致している。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル46に示した。

【0281】

A4RS-914の塩基配列を決定したところ、これはmonocyte-d

erived neutrophil-activating protein (MONAP) の配列 [Accession: M26383] (配列番号93) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号94に示した。MONAPは別名 interleukin 8 (IL-8) であり、動脈硬化の発症との関連性が強く示唆されている。実際に動脈硬化プラークのマクロファージにおいてmRNAレベル、タンパク質レベルでの強い発現が報告されている [Arterioscler. Thromb. Vasc. Biol., 16, 1007 (1996)]。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル47に示した。

【0282】

A4RS-929の塩基配列を決定したところ、これはMUC18 glycoproteinの配列 [Accession: M28882] (配列番号95) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号96に示した。MUC18はMel-CAM、あるいはCD146とも呼ばれ、免疫グロブリン様ドメインを有する細胞接着因子である。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル48に示した。

【0283】

A4RS-935の塩基配列を決定したところ、これはnuclear speckle-type protein (SPOP) の配列 [Accession: AJ000644] (配列番号97) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号98に示した。SPOPはスプライシング因子と相互作用すると考えられる核内因子である。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル49に示した。

【0284】

A4RS-938の塩基配列を決定したところ、これはthrombospondin (TSP) の配列 [Accession: X14787] (配列番号99) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号100に示した。TSPは細胞外マトリクスとして機能する糖タンパク質であり、癌化、血管新生を阻害する作用を有する。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル50に示した。

【0285】

A4RS-939の塩基配列を決定したところ、これはcaveolinの配列 [Accession: Z18951] (配列番号101) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号102に示した。caveolinは細胞膜に存在するcaveolaeの主要構成因子であり、nitric oxide (NO) synthaseと相互作用することでNO産生制御に関与することが報告されている [J. Biol. Chem., 273, 34724 (1998)]。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル51に示した。

【0286】

A4RS-945の塩基配列を決定したところ、これはhuman BENE mRNAの配列 [Accession: U17077] (配列番号103) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号104に示した。BENEはT cell surface glycoprotein MALと相同性を有する膜タンパク質である。内皮細胞において、酸化リボタンパク質の構成因子であるlysophosphatidyl choline (lysoPC) により発現上昇することから、動脈硬化との関連性が示唆されている [J. Biochemistry, 123, 1119 (1998)]。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル52に示した。

【0287】

A4RS-947の塩基配列を決定したところ、これは1, 4-alpha-glucan branching enzymeの配列 [Accession: L07956] (配列番号105) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号106に示した。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル53に示した。

【0288】

A4RS-948の塩基配列を決定したところ、これはferritin Hの配列 [Accession: M11146] (配列番号107) と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号108に示した。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル54に示した。

【0289】

A4RS-949の塩基配列を決定したところ、これはhuman PAST (HPAST)の配列 [Accession: AF001434] (配列番号109)と一致した。この遺伝子がコードするアミノ酸配列を配列番号110に示した。HPASTは、ハエ由来の糖タンパク質であるPAST-1と相同性を有する。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル55に示した。

【0290】

(3) ずり応力依存的発現上昇を示す部分長新規遺伝子

A4RS-011の塩基配列を決定したところ、これはUniGene Hs. 71475に含まれるEST群と一致した。一致するESTを連結することで、配列番号111に示した配列を得ることができた。この配列がコードするアミノ酸配列を配列番号112に示した。この配列がコードするアミノ酸配列は、他の既知のタンパク質と顕著な相同性を示さない。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル56に示した。

【0291】

A4RS-115の塩基配列を決定したところ、これはUniGene Hs. 3742に含まれるEST群と一致した。一致するESTを連結することで、配列番号113に示した配列を得ることができた。この配列がコードするアミノ酸配列を配列番号114に示した。この遺伝子はラットSEC61 [Accession: M96630]と非常に高い相同性を示し、ヒトのオーソログと考えられる。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル57、図3のパネル13に示した。

【0292】

A4RS-143の塩基配列を決定したところ、これはUniGene Hs. 5307に含まれるEST群と一致した。一致するESTを連結することで、配列番号115に示した配列を得ることができた。この配列中には50アミノ酸以上から成るORFが存在せず、非翻訳領域と考えられる。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル58、図3のパネル14に示した。

【0293】

A4RS-171の塩基配列を決定したところ、これと完全一致する配列はデータベース中に存在しなかった。塩基配列を配列番号116に示した。この配列中には50アミノ酸以上から成るORFが存在せず、非翻訳領域と考えられる。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル59に示した。

【0294】

A4RS-193の塩基配列を決定したところ、これはUniGene Hs. 112157に含まれるEST群と一致した。一致するESTを連結することで、配列番号117に示した配列を得ることができた。この配列がコードするアミノ酸配列を配列番号118に示した。この配列がコードするタンパク質は、他の既知のタンパク質と顕著な相同性を示さない。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル60、図3のパネル15に示した。

【0295】

A4RS-280の塩基配列を決定したところ、これはUniGene Hs. 109017に含まれるEST群と一致した。一致するESTを連結することで、配列番号119に示した配列を得ることができた。この配列がコードするアミノ酸配列を配列番号120に示した。この遺伝子はヒトras-like protein TC10 [Accession: M31470] と87%の高い相同性を示し、新規ヒト低分子量GTP結合タンパク質と考えられる。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル61、図3のパネル16に示した。

【0296】

A4RS-402の塩基配列を決定したところ、これはUniGene Hs. 181077に含まれるEST群と一致した。一致するESTを連結することで、配列番号121に示した配列を得ることができた。この配列がコードするアミノ酸配列を配列番号122に示した。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル62、図3のパネル17に示した。

【0297】

A4RS-533の塩基配列を決定したところ、これはESTクローン、R079

25、T86046と一致した。一致するESTを連結することで、配列番号123に示した配列を得ることができた。この配列がコードするアミノ酸配列を配列番号124に示した。この配列がコードするアミノ酸配列は、他の既知のタンパク質と顕著な相同性を示さない。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル63に示した。

【0298】

A4RS-604の塩基配列を決定したところ、これはUniGene Hs. 34160に含まれるEST群と一致した。一致するESTを連結することで、配列番号125に示した配列を得ることができた。この配列がコードするアミノ酸配列を配列番号126に示した。この配列がコードするタンパク質は、他の既知のタンパク質と顕著な相同性を示さない。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル64、図4のパネル18に示した。

【0299】

A4RS-615の塩基配列を決定したところ、これはUniGene Hs. 193974に含まれるEST群と一致した。一致するESTを連結することで、配列番号127に示した配列を得ることができた。この配列がコードするアミノ酸配列を配列番号128に示した。この配列がコードするタンパク質は、他の既知のタンパク質と有意な相同性を示さない。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル65に示した。

【0300】

A4RS-619の塩基配列を決定したところ、これはUniGene Hs. 14512に含まれるEST群と一致した。一致するESTを連結することで、配列番号129に示した配列を得ることができた。この配列中には50アミノ酸以上から成るORFが存在せず、非翻訳領域と考えられる。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル66に示した。

【0301】

A4RS-626の塩基配列を決定したところ、これと完全一致する配列はデータベース中に存在しなかった。塩基配列を配列番号130に示した。この配列中には50アミノ酸以上から成るORFが存在せず、非翻訳領域と考えられる。

ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル67、図4のパネル19に示した。

【0302】

A4RS-676の塩基配列を決定したところ、これはUniGene Hs . 8881に含まれるEST群と一致した。一致するESTを連結することで、配列番号131に示した配列を得ることができた。この配列中には50アミノ酸以上から成るORFが存在せず、非翻訳領域と考えられる。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル68に示した。

【0303】

A4RS-679の塩基配列を決定したところ、これと完全一致する配列はデータベース中に存在しなかった。塩基配列を配列番号132に示した。この配列中には50アミノ酸以上から成るORFが存在せず、非翻訳領域と考えられる。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル69に示した。

【0304】

A4RS-737の塩基配列を決定したところ、これと完全一致する配列はデータベース中に存在しなかった。塩基配列を配列番号133に示した。この配列中には50アミノ酸以上から成るORFが存在せず、非翻訳領域と考えられる。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル70に示した。

【0305】

A4RS-780の塩基配列を決定したところ、これはUniGene Hs . 34489に含まれるEST群と一致した。一致するESTを連結することで、配列番号134に示した配列を得ることができた。この配列中には50アミノ酸以上から成るORFが存在せず、非翻訳領域と考えられる。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル71に示した。

【0306】

A4RS-826の塩基配列を決定したところ、これはUniGene Hs . 7348に含まれるEST群と一致した。一致するESTを連結することで、

配列番号 135 に示した配列を得ることができた。この配列がコードするアミノ酸配列を配列番号 136 に示した。この配列がコードするタンパク質は、他の既知のタンパク質と顕著な相同性を示さない。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図 2 のパネル 72 に示した。

【0307】

A4RS-916 の塩基配列を決定したところ、これは UniGene Hs . 105695 に含まれる EST 群と一致した。一致する EST を連結することで、配列番号 137 に示した配列を得ることができた。この配列がコードするアミノ酸配列を配列番号 138 に示した。この配列がコードするタンパク質は、他の既知のタンパク質と顕著な相同性を示さない。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図 2 のパネル 73、図 4 のパネル 20 に示した。

【0308】

A4RS-933 の塩基配列を決定したところ、これは EST クローン AI391599 と一致した。一致する EST を連結することで、配列番号 139 に示した配列を得ることができた。この配列がコードするアミノ酸配列を配列番号 140 に示した。この配列がコードするタンパク質は、他の既知のタンパク質と顕著な相同性を示さない。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図 2 のパネル 74 に示した。

【0309】

A4RS-943 の塩基配列を決定したところ、これは UniGene Hs . 186838 に含まれる EST 群と一致した。一致する EST を連結することで、配列番号 141 に示した配列を得ることができた。この配列がコードするアミノ酸配列を配列番号 142 に示した。この配列がコードするアミノ酸配列は zinc finger モチーフを有し、トリ由来 zinc finger 5 protein [Accession: U51640] 67% の相同性を示した。力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図 2 のパネル 75 に示した。

【0310】

実施例 5

完全長 cDNA のクローン化

実施例 3 において取得した、ずり応力依存的に発現上昇する新規 DNA は、ほとんどの場合、そのインサートの長さがノーザンブロットングで検出される mRNA の大きさより顕著に短かった。すなわち、サブトラクションライブラリーから得られたクローンは、全長 cDNA ではなく部分 cDNA 断片であると判断された。そこで、新規 DNA のうち 8 種類について、それらの全長 cDNA を cDNA ライブラリーから取得し直した。

【0311】

(1) λ ファージベクターを用いた cDNA ライブラリーの作製

実施例 1 において取得した HUVEC 由来ポリ (A)⁺RNA 4.8 μ g に、オリゴ (dT) - XhoI プライマー (配列番号 160) 3.2 μ g を加え、蒸留水を加えて 6.8 μ l とした。70℃ で 10 分間加熱後、氷上に移し急冷した。該溶液に、5×逆転写酵素反応用緩衝液 (酵素に添付されていたもの) 4 μ l、100 mM DTT を 2 μ l、dNTP 混合液 [10 mM dATP、10 mM dGTP、10 mM dTTP、5 mM 5-methyl dCTP] を 1.2 μ l、トレーサーとして [α -³²P] dATP (110 TBq/mmol; Amersham Pharmacia Biotech 社製) 1 μ l を氷上で添加した。37℃ で 2 分間保温後、逆転写酵素 Superscript II RNaseH⁻ Reverse transcriptase 5 μ l (1,000 単位; Life Technologies 社製) を添加し、44℃ で 1 時間反応させて cDNA を合成した。該反応液に 0.8 μ l の 0.5 M EDTA (pH 8.0) を加えて反応を止め、フェノール・クロロホルム処理、クロロホルム処理の後、エタノール沈殿により cDNA と mRNA のハイブリッドを回収した。沈殿を 17 μ l の蒸留水に溶解させ、ここに 5 μ l の 5×反応用緩衝液 (酵素に添付のもの)、2.5 μ l の 100 μ M dGTP、および 15 単位/ μ l の Terminal deoxynucleotidyl transferase (Life Technologies 社製) を 0.5 μ l 添加した。37℃ で 30 分間反応させ、cDNA の 3' 末端にオリゴ dG を付加した。該反応液に 5 μ l の 0.5 M EDTA (pH 8.0) を加えて反応を止め、フェノ

ール・クロロホルム処理、クロロホルム処理の後、エタノール沈殿を行った。得られた沈殿を20.7 μ lの蒸留水に溶解させ、反応用緩衝液A [200 mM Tris·HCl (pH 8.75)、100 mM KCl、100 mM (NH₄)₂SO₄、20 mM MgSO₄、1% Triton X-100、1 mg/ml BSA] 1.5 μ l、反応用緩衝液B [200 mM Tris·HCl (pH 9.2)、600 mM KCl、20 mM MgCl₂] 1.5 μ l、オリゴ(dC) NotIプライマー(配列番号161) 0.3 μ g、10 mM dNTP混合液 0.75 μ l、10 mM β -NAD 1.5 μ lを加えて総容量を27.45 μ lとした。55℃で5分間保温した後、5単位/ μ lのExTaq DNA polymerase (宝酒造社製) 1.5 μ l、100単位/ μ lのAmpligase (Epicentre社製) 0.75 μ l、5単位/ μ lのHybridase (Epicentre社製) 0.3 μ lを添加した。サーマルサイクラーDNA engine (MJ Research社製)を用い、1分間あたり0.3℃の速度で、55℃から35℃までゆっくりと温度を下げ、その後35℃で15分間保温してプライマーを鋳型1本鎖cDNAにアニーリングさせた。その後72℃で15分間保温し第2ストランドDNAの伸長反応を行った。このアニーリング、伸長反応のサイクルをあと3回繰り返すことで、mRNAを分解しcDNAを2本鎖にした。該反応液に0.5 M EDTA (pH 8.0) 0.5 μ l、10% SDSを0.5 μ l、20 μ g/ μ lのProteinase Kを0.5 μ l添加して45℃で15分間保温し、反応を停止して酵素を失活させた。

【0312】

フェノール・クロロホルム処理、クロロホルム処理の後、エタノール沈殿を行い、得られた沈殿を44 μ lの蒸留水に溶解させた。ここに10×反応用緩衝液(酵素に添付のもの) 5 μ l、XhoI (10単位/ μ l; 宝酒造社製) 1 μ lを添加し、37℃で2時間反応させ、オリゴ(dT)-XhoIプライマー内のXhoIサイトを切断した。該反応液に5 M NaClを0.5 μ l、NotI (10単位/ μ l; 宝酒造社製) 1 μ lを添加し、37℃で2時間反応させてオリゴ(dC) NotIプライマー内のNotIサイトを切断した。400 bp以

下の短いcDNAおよび未反応のプライマーとヌクレオチドを除くため、TE緩衝液で平衡化させたSize Sep-400スパンカラム (Amersham Pharmacia Biotech社製) に該反応液を乗せて400gで2分間遠心分離し、溶出液をフェノール・クロロホルム処理、クロロホルム処理により精製した。クローニングベクターλZAPII (Stratagene社製) 5μg (5μl) に10×反応用緩衝液 (宝酒造社製) 8μl、蒸留水62μl、XhoI 50単位 (5μl) を添加し、37℃で4時間反応させた。該反応液に、5M NaCl 1μlとNotI 50単位 (5μl) を添加して37℃でさらに4時間反応させ、ベクターのXhoIサイトとNotIサイトを切断した。該反応液に、10×反応用緩衝液 (酵素に添付のもの) 9μl、0.025単位の温度感受性アルカリ性フォスファターゼ (Life Technologies社製) を添加し、65℃で15分間反応させてベクターのXhoI切断末端とNotI切断末端の5'端を脱リン酸化した。該反応液に10μlの反応停止液 (酵素に添付のもの) を添加して反応を止め、フェノール・クロロホルム処理、クロロホルム処理の後、エタノール沈殿により回収した。このベクター0.25μgに、上記で精製したcDNAを加えてエタノール沈殿を行い、回収したベクターDNAとcDNAをリガーゼ緩衝液 [100mM Tris-HCl (pH7.6)、5mM MgCl₂、300mM NaCl] 4μlに溶解させ、ライゲーションキットver. 1 (宝酒造社製) のB液4μlを添加して26℃で10分間反応させ、ベクターDNAにcDNAを結合させた。該反応液を4μlずつλphage Packaging Extract Gigapackβ Gold (Stratagene社製) を用いてパッケージングを行った。具体的試薬および方法は、キットに付与されているマニュアルに従った。得られたファージを大腸菌XL1-Blue MRF'株に感染させてタイターを測定した。さらに、ファージをプレート上で増殖させた後にSM緩衝液 (組成はStratagene社のマニュアルに記載) 中に回収することによりcDNAライブラリーを1回増幅し、最終的なcDNAライブラリーとした。タイターの測定およびライブラリー増幅の具体的な方法は、λファージパッケージングキットに付与されているマニュアルに従った。

【0313】

(2) プラークハイブリダイゼーションによる完全長cDNAの取得

(1) において作製したライブラリーについて、プラークのDNAをナイロンメンブレンHybondN+ (Amersham Pharmacia Biotech社製) にブロットニングした。鋳型として実施例2で得られたサブトラクションライブラリー由来のプラスミドを、プライマーとして各遺伝子特異的なものを合成し、PCR DIGラベリング・ミックス (Boehringer Mannheim社製) を添加してPCRを行い、各遺伝子特異的な断片を増幅し標識した。該DNA断片をプローブとして用い、Boehringer Mannheim社のマニュアルに従ってハイブリダイゼーションおよび、ポジティブプラークの検出を行った。ポジティブプラークはSM緩衝液中で増幅させ、ヘルパーファージEx Assist (Stratagene社製) を用いてプラスミド化した。プラスミド化の具体的な方法は、Stratagene社のマニュアルに従った。

【0314】

(3) 塩基配列の決定

得られたそれぞれのcDNAクロンの塩基配列は、Perkin Elmer社の377 DNAシーケンサーを用いて決定した。塩基配列決定のための具体的試薬および方法はパーキンエルマー社のダイプライマーシーケンシングFSレディーリアクション (Dye Primer Cycle Sequencing FS Ready Reaction) キットを使用し、キットに添付のマニュアルに従った。また、この塩基配列を3フレームでアミノ酸配列に翻訳し、オープンリーディングフレーム (ORF) が存在するかどうか調べた。

【0315】

(4) 完全長cDNAの相同性解析

①A4RS-002

プラークハイブリダイゼーションの結果取得された完全長cDNAクローンpfA4RS-002-1のcDNAの全塩基配列を決定し、得られた塩基配列を配列番号143に示した。クローンpfA4RS-002-1を導入した大腸菌

DH5 α 株 (*Escherichia coli* DH5 α /pIA4RS-002-1) はブタペスト条約下で工業技術院生命工学工業技術研究所 (茨城県つくば市東1-1-3) に平成11年8月5日付けで受託番号FERM BP-6822で国際寄託されている。A4RS-002の塩基配列中には、390アミノ酸から成るORFが観察され (配列番号144にアミノ酸配列を示した)、相同性解析の結果、免疫グロブリンファミリーに属する蛋白質と有意な相同性を示すことがわかった。

【0316】

その中でも特に、ヒト大腸癌の特異的マーカーであるA33 antigen [Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 94, 469 (1997)]、ウィルスの受容体蛋白質であるCAR (Coxsackie and adenovirus receptor) [Science, 275, 1320 (1997)] と高い相同性を示した。これらの因子は、その一次構造からI型の膜蛋白質であることが予測されている。アミノ酸配列から推定した親水性の解析から、A4RS-002のアミノ末端29残基が分泌シグナルと推定され、また、249~270番目に疎水性の高い、膜貫通領域と考えられる配列が存在している。免疫グロブリンファミリーに属するICAM-1やVCAM-1がずり応力依存的発現変動を示すことから、A4RS-002は免疫グロブリンファミリーに属し、膜蛋白質として機能していることが推測される。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル76、図4のパネル21に示した。

②A4RS-049

ブランクハイブリダイゼーションの結果取得された完全長cDNAクローンpfA4RS-049-1のcDNAの全塩基配列を決定し、得られた塩基配列を配列番号145に示した。クローンpfA4RS-049-1を導入した大腸菌DH5 α 株 (*Escherichia coli* DH5 α /pIA4RS-049-1) はブタペスト条約下で工業技術院生命工学工業技術研究所 (茨城県つくば市東1-1-3) に平成11年8月5日付けで受託番号FERM BP-6823で国際寄託されている。A4RS-049の塩基配列中には、881アミノ酸から成るORFが観察された (配列番号146にアミノ酸配列を示した)。相同性解析の結果、A4RS-049がコードする蛋白質は、マウス由来3BP-1 (SH3 domain bind

ing protein) [EMBO J., 14, 3127 (1995)]をはじめ、rho GAP、Abrといった種々のGTPase-activating protein (GAP)と有意な相同性を示した。GAPとは、ras、rabといった低分子量GTP結合蛋白質のGTPase活性を制御するファミリーで、A4RS-049が相同性を示したのは、rho、racなどの細胞骨格制御に関与すると考えられているサブファミリーに特異的なGAPである。A4RS-049がコードするアミノ酸配列中には、既知のGAP間で保存されているGTPase活性化ドメインが存在し、A4RS-049がGAPとして機能することが推測される。また、データベース中にはA4RS-049がコードする蛋白質と優位な相同性を示す、機能未知の線虫 [Accession: Z73425]、酵母 [Accession: Z97210] 由来の遺伝子が登録されており、A4RS-049が進化上よく保存された遺伝子であることが予想される。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル77、図4のパネル22に示した。③A4RS-230

ブランクハイブリダイゼーションの結果取得された完全長cDNAクローンpfA4RS-230-2のcDNAの全塩基配列を決定し、得られた塩基配列を配列番号147に示した。クローンpfA4RS-230-2を導入した大腸菌DH5α株 (Escherichia coli DH5α/pIA4RS-230-2) はブタペスト条約下で工業技術院生命工学工業技術研究所 (茨城県つくば市東1-1-3) に平成11年8月5日付けで受託番号FERMBP-6824で国際寄託されている。A4RS-230の塩基配列中には、322アミノ酸から成るORFが観察された (配列番号148にアミノ酸配列を示した)。相同性解析の結果、A4RS-230がコードする蛋白質は、マウスmyeloid upregulated protein [Accession: 035682] と83%の高い相同性を示し、ヒトカウンターパートとも考えられるが、C末端側はかなり異なっている。マウスmyeloid upregulated proteinに関してはデータベース中に配列が登録されているだけで、機能は未知である。また、アミノ酸配列から推定される親水性の解析から、A4RS-230がコードする蛋白質は極めて疎水性が高く、膜蛋白質として機能している可能性もある。しかしながら、N末端にシグ

ナル配列と判断される配列は存在しない。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル78、図4のパネル23に示した。

④ A4RS-239

ブラークハイブリダイゼーションの結果取得された完全長 cDNA クローン p f A4RS-239-2 の cDNA の全塩基配列を決定し、得られた塩基配列を配列番号 149 に示した。クローン p f A4RS-239-2 を導入した大腸菌 DH5 α 株 (*Escherichia coli* DH5 α /pIA4RS-239-2) はブタペスト条約下で工業技術院生命工学工業技術研究所 (茨城県つくば市東 1-1-3) に平成 11 年 8 月 5 日付けで受託番号 FERM BP-6825 で国際寄託されている。A4RS-239 の塩基配列中には、663 アミノ酸から成る ORF が観察された (配列番号 150 にアミノ酸配列を示した)。相同性解析の結果、A4RS-239 がコードする蛋白質は、上述の A4RS-049 と同様、rhoGAP、Abr といった種々の GAP と、低いながらも有意な相同性を示した。

【0317】

ただし、A4RS-239 と A4RS-049 は別の DNA である。A4RS-239 がコードするアミノ酸配列中には、既知の GAP 間で保存されている GTPase 活性化ドメインが存在し、A4RS-239 が GAP として機能することが推測される。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル79、図3のパネル24に示した。

⑤ A4RS-242

ブラークハイブリダイゼーションの結果取得された完全長 cDNA クローン p f A4RS-242-1 の cDNA の全塩基配列を決定し、得られた塩基配列を配列番号 151 に示した。クローン p f A4RS-242-1 を導入した大腸菌 DH5 α 株 (*Escherichia coli* DH5 α /pIA4RS-242-1) はブタペスト条約下で工業技術院生命工学工業技術研究所 (茨城県つくば市東 1-1-3) に平成 11 年 8 月 5 日付けで受託番号 FERM BP-6826 で国際寄託されている。

【0318】

A4RS-242 の塩基配列中には、863 アミノ酸から成る ORF が観察された (配列番号 152 にアミノ酸配列を示した)。相同性解析の結果、A4RS

-242がコードする蛋白質のアミノ末端半分は、ehb10という遺伝子の産物のほぼ全長と一致している。しかし、A4RS-242のカルボキシ末端半分に相当する部分はehb10には存在しない。すなわち、両者はスプライシング・バリエーションであると考えられる。ehb10は、Eps15（EGF受容体の基質）の蛋白質相互作用に関与すると考えられるEHドメインと結合する因子として発現クローニングにより取得されたものの1つである〔Genes & Dev., 11, 2239 (1997)〕が、その機能は未知である。ただ、EHドメインとの結合に必要とされるモチーフはA4RS-242にも存在している。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル80、図4のパネル25に示した。

⑥A4RS-491

ブラクハイブリダイゼーションの結果取得された完全長cDNAクローンpfA4RS-491-1のcDNAの全塩基配列を決定し、得られた塩基配列を配列番号153に示した。クローンpfA4RS-491-1を導入した大腸菌DH5α株 (*Escherichia coli* DH5α/pIA4RS-491-1) はブタペスト条約下で工業技術院生命工学工業技術研究所（茨城県つくば市東1-1-3）に平成11年8月5日付けで受託番号FERM BP-6827で国際寄託されている。

【0319】

A4RS-491の塩基配列中には、331アミノ酸から成るORFが観察された（配列番号154にアミノ酸配列を示した）。相同性解析の結果、A4RS-491がコードする蛋白質は、ヒトhypothetical proteinとしてデータベースに登録されているアミノ酸配列〔Accession: 043334〕と広い範囲にわたって一致していた。しかしながら、このhypothetical proteinは393アミノ酸からなり、88～148番目のアミノ酸がA4RS-491がコードするアミノ酸配列には含まれないことがわかった。すなわち、両者はスプライシング・バリエーションであると考えられる。A4RS-491がコードする蛋白質は、線虫〔Accession: Z78198〕、細菌〔Accession: E69827〕由来のglycerophosphodiester phosphodiesteraseと顕著な相同性を示し、進化上よく保存された遺伝子であ

ることがわかった。細菌由来の *glycerophosphodiester phosphodiesterase* は膜上に存在することが知られており、A4RS-491 がコードするアミノ酸配列から推定した親水性の解析から、配列番号154の1～26番目のアミノ酸配列がシグナルペプチドと推定された。ズリ応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル81、図4のパネル26に示した。

⑦A4RS-578

プラークハイブリダイゼーションの結果取得された完全長 cDNA クローン p f A4RS-578-1 の cDNA の全塩基配列を決定し、得られた塩基配列を配列番号155に示した。クローン p f A4RS-578-1 を導入した大腸菌 DH5 α 株 (*Escherichia coli* DH5 α /pIA4RS-578-1) はブタペスト条約下で工業技術院生命工学工業技術研究所 (茨城県つくば市東1-1-3) に平成11年8月5日付けで受託番号 FERM BP-6828 で国際寄託されている。

【0320】

A4RS-578 の塩基配列中には、541 アミノ酸から成る ORF が観察された (配列番号156にアミノ酸配列を示した)。相同性解析の結果、A4RS-578 がコードする蛋白質は、線虫由来の *hypothetical protein* として登録されている機能未知の蛋白質のアミノ酸配列 [Accession: Z95559] と最も強い相同性を示し、次いでラット *brain finger protein* (BFP) [Biochem. Biophys. Res. Commun., 240, 8 (1997)] と有意な相同性を示した。ラット BFP は、*zinc finger* モチーフの一種である *RING finger* モチーフを有する新規遺伝子としてクローニングされ、脳特異的に発現すること、神経細胞への分化の段階で誘導発現される可能性が報告されている。しかしながら、A4RS-578 がコードするアミノ酸配列中には、*RING finger* モチーフと判断される配列は存在しない。A4RS-578 がコードする蛋白質はまた、種々の GTP 結合蛋白質と有意な相同性を示し、多くの GTP 結合蛋白質が共通して有している3つのモチーフのうち2つを A4RS-578 も有している。モチーフ2つのみを有する GTP 結合蛋白質の存在も報告されており、A4RS-578 がコードする蛋白

質もGTP結合蛋白質として機能している可能性が考えられる。

【0321】

ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル82、図4のパネル27に示した。

⑧A4RS-829

ブラックハイブリダイゼーションの結果取得された完全長cDNAクローンpfA4RS-829-1のcDNAの全塩基配列を決定し、得られた塩基配列を配列番号157に示した。クローンpfA4RS-829-1を導入した大腸菌DH5 α 株 (*Escherichia coli* DH5 α /pIA4RS-829-1) はブタペスト条約下で工業技術院生命工学工業技術研究所（茨城県つくば市東1-1-3）に平成11年8月5日付けで受託番号FERM BP-6829で国際寄託されている。

【0322】

A4RS-829の塩基配列中には、173アミノ酸から成るORFが観察された（配列番号158にアミノ酸配列を示した）。相同性解析の結果、A4RS-829がコードする蛋白質は、アラビドプシス [Accession: 048707]、線虫 [Accession: Q20340]、酵母 [Accession: Q03677]、由来の、hypothetical proteinとして登録されている機能未知の蛋白質のアミノ酸配列と顕著な相同性を示し、進化的によく保存された遺伝子であることがわかった。ずり応力依存的発現上昇を示すノーザンブロットを、図2のパネル83、図4のパネル28に示した。

【0323】

実施例6

A4RS-002の組み換え蛋白質の生産

(1) 発現プラスミドの構築 実施例5において取得した2 μ gのpfA4RS-002-1に5 μ lの10 \cdot 反応用緩衝液（酵素に添付のもの）、1 μ lのXhoI（10単位/ μ l；宝酒造社製）、および蒸留水を添加して総容量を50 μ lとした。37 $^{\circ}$ Cで2時間保温し、完全消化した。該反応液に5M NaClを0.5 μ l、NotI（10単位/ μ l；宝酒造社製）1 μ lを添加し、37 $^{\circ}$ Cで2時間保温して完全消化した。フェノール・クロロホルム処理、クロロホル

ム処理の後、エタノール沈殿を行い、得られた沈殿を $20\mu\text{l}$ の蒸留水に溶解させた。ここに $3\mu\text{l}$ の $10\times$ blunting buffer（酵素に添付のもの）、 $6\mu\text{l}$ の 2.5mM dNTP混合液、 $1\mu\text{l}$ のKlenow fragment（宝酒造社製）を添加し、 37°C で1時間保温して制限酵素処理末端の平滑化を行った。フェノール・クロロホルム処理、クロロホルム処理の後、エタノール沈殿を行った。

【0324】

得られた沈殿を $5\mu\text{l}$ の蒸留水に溶解させ、Sfi I リンカー（ $5'$ -CTTTAGAGCAC- $3'$ 、 $5'$ -CTCTAAAG- $3'$ ）を各々 $0.4\mu\text{g}$ 、 $0.3\mu\text{g}$ 添加して $6\mu\text{l}$ とした。ここに、ライゲーションキットver. 2（宝酒造社製）のI液を $12\mu\text{l}$ 、II液を $6\mu\text{l}$ 加えて 16°C で一晩保温し、リンカーライゲーションを行った。該反応液全量を 0.8% アガロースゲルで電気泳動し、目的の断片をQIAEX II Gel Extraction Kit（QIAGEN社製）を用いて回収した。方法はキットに添付のマニュアルに従った。回収したDNA断片を $10\mu\text{l}$ の蒸留水に溶解した。このインサートDNAに、Sfi I で線状化し同様にアガロースゲルから回収した動物細胞発現用プラスミドベクターpAMo〔J. Biol. Chem., 268, 22782 (1993)、別名pAMoPRC3Sc（特開平05-336963号公報）〕をモル比でインサートの $1/5$ 量になるように加え、該溶液と等容量のLigation High（東洋紡績社製）を添加した。 16°C で3時間保温し、リンカー付きインサートとベクターの連結を行った後、コンピテントセル大腸菌MW294に導入した。導入後の菌液を $50\mu\text{g}/\text{ml}$ のアンピシリンを含むLB寒天培地にまき、 37°C で終夜保温してコロニーを形成させた。得られたコロニーをランダムに拾ってプラスミドを取得し、制限酵素処理によりインサートの有無を確認した。インサートが入っていたものについてその方向を調べ、望むべき方向性を有する1クローン、pAMo-002についてQIAGEN Plasmid Midi Kit（QIAGEN社製）を用いプラスミドの大量調製を行った。方法はキットに添付のマニュアルに従った。このプラスミドを無菌的にエタノール沈殿し、蒸留水に溶解させて $1\mu\text{g}/\mu\text{l}$ に調整した。

【0325】

以上の pAMo-002 の構築については図 5 に示した。(2) 組み換え体プラスミドの動物培養細胞への導入

遺伝子発現用の宿主細胞である *Namalg* KJM-1 [Cytotechnology, 1, 151 (1988)] を遠心分離して集め、10 ml の K-PBS [13.7 mM KCl、0.27 mM NaCl、0.81 mM Na_2HPO_4 、0.15 mM KH_2PO_4 、0.4 mM MgCl_2] で洗浄した後、冷却した K-PBS に懸濁して 8×10^6 細胞/ml になるように調製した。該細胞懸濁液 200 μl (1.6×10^6 細胞) と、(1) で調製した 4 μl (4 μg) のプラスミド DNA を混合し、あらかじめ氷上で冷却しておいたチャンバー (BIO-RAD 社製) に速やかに移した後、Gene Pulser (BIO-RAD 社製) を用いて 0.35 kV、125 μF の電圧を負荷してエレクトロポレーションを行った。その後速やかにチャンバーを氷上に置き、8 ml の RPMI 1640 培地 (日水製薬社製) を入れておいたフラスコにエレクトロポレーション後の細胞を移した。37℃、5% CO_2 の条件下で 24 時間培養した後、選択用の薬剤である G-418 を最終濃度 0.5 mg/ml になるように添加した。さらに 1 週間、培養を続けて遺伝子導入細胞を選択した。コントロールとして、インサートの入っていない pAMo ベクターのみを KJM-1 に導入した細胞も調製した。

【0326】

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> KYOWA HAKKO KOGYO CO., LTD.,
 <120> shear stress-responsive genes
 <130> H11-0701J2
 <140>
 <141>
 <160> 161
 <170> PatentIn Ver. 2.0
 <210> 1

<211> 3817

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (440)..(1930)

<400> 1

gaattcgggt ggagtcctga aggagggcct gatgtcttca tcattctcaa attcttgtaa 60
gctctgcgtc ggggtgaaacc agacaaagcc gcgagcccag ggatgggagc acgcggggga 120
cggcctgccc gcggggacga cagcattgcg cctgggtgca gcagtgtgcg tctcggggaa 180
gggaagatat tttaaggcgt gtctgagcag acggggaggc ttttccaaac ccaggcagct 240
tcgtggcgtg tgcggtttcg acccggtcac acaaagcttc agcatgtcat gtgaggacgg 300
tcgggccctg aaaggaacgc tctcggaatt ggccgcggaa accgatctgc ccgttgtgtt 360
tgtgaaacag agaaagatag gcggccatgg tccaaccttg aaggcttattc aggagggcag 420
acttcaaaag ctactaaaa atg aac ggc cct gaa gat ctt ccc aag tcc tat 472

Met Asn Gly Pro Glu Asp Leu Pro Lys Ser Tyr

1 5 10

gac tat gac ctt atc atc att gga ggt ggc tca gga ggt ctg gca gct 520
Asp Tyr Asp Leu Ile Ile Ile Gly Gly Gly Ser Gly Gly Leu Ala Ala

15 20 25

gct aag gag gca gcc caa tat ggc aag aag gtg atg gtc ctg gac ttt 568
Ala Lys Glu Ala Ala Gln Tyr Gly Lys Lys Val Met Val Leu Asp Phe

30 35 40

gtc act ccc acc cct ctt gga act aga tgg ggt ctt gga gga aca tgt 616
Val Thr Pro Thr Pro Leu Gly Thr Arg Trp Gly Leu Gly Gly Thr Cys

45 50 55

gtg aat gtg ggt tgc ata cct aaa aaa ctg atg cat caa gca gct ttg 664
Val Asn Val Gly Cys Ile Pro Lys Lys Leu Met His Gln Ala Ala Leu

60 65 70 75

tta gga caa gcc ctg caa gac tct cga aat tat gga tgg aaa gtc gag	712
Leu Gly Gln Ala Leu Gln Asp Ser Arg Asn Tyr Gly Trp Lys Val Glu	
80 85 90	
gag aca gtt aag cat gat tgg gac aga atg ata gaa gct gta cag aat	760
Glu Thr Val Lys His Asp Trp Asp Arg Met Ile Glu Ala Val Gln Asn	
95 100 105	
cac att ggc tct ttg aat tgg ggc tac cga gta gct ctg cgg gag aaa	808
His Ile Gly Ser Leu Asn Trp Gly Tyr Arg Val Ala Leu Arg Glu Lys	
110 115 120	
aaa gtc gtc tat gag aat gct tat ggg caa ttt att ggt cct cac agg	856
Lys Val Val Tyr Glu Asn Ala Tyr Gly Gln Phe Ile Gly Pro His Arg	
125 130 135	
att aag gca aca aat aat aaa ggc aaa gaa aaa att tat tca gca gag	904
Ile Lys Ala Thr Asn Asn Lys Gly Lys Glu Lys Ile Tyr Ser Ala Glu	
140 145 150 155	
agt ttt ctc att gcc act ggt gaa aga cca cgt tac ttg ggc atc cct	952
Ser Phe Leu Ile Ala Thr Gly Glu Arg Pro Arg Tyr Leu Gly Ile Pro	
160 165 170	
ggt gac aaa gaa tac tgc atc agc agt gat gat ctt ttc tcc ttg cct	1000
Gly Asp Lys Glu Tyr Cys Ile Ser Ser Asp Asp Leu Phe Ser Leu Pro	
175 180 185	
tac tgc ccg ggt aag acc ctg gtt gtt gga gca tcc tat gtc gct ttg	1048
Tyr Cys Pro Gly Lys Thr Leu Val Val Gly Ala Ser Tyr Val Ala Leu	
190 195 200	
gag tgc gct gga ttt ctt gct ggt att ggt tta ggc gtc act gtt atg	1096
Glu Cys Ala Gly Phe Leu Ala Gly Ile Gly Leu Gly Val Thr Val Met	
205 210 215	
gtt agg tcc att ctt ctt aga gga ttt gac cag gac atg gcc aac aaa	1144
Val Arg Ser Ile Leu Leu Arg Gly Phe Asp Gln Asp Met Ala Asn Lys	

220	225	230	235	
att ggt gaa cac atg gaa gaa cat ggc atc aag ttt ata aga cag ttc				1192
Ile Gly Glu His Met Glu Glu His Gly Ile Lys Phe Ile Arg Gln Phe				
	240	245	250	
gta cca att aaa gtt gaa caa att gaa gca ggg aca cca ggc cga ctc				1240
Val Pro Ile Lys Val Glu Gln Ile Glu Ala Gly Thr Pro Gly Arg Leu				
	255	260	265	
aga gta gta gct cag tcc acc aat agt gag gaa atc att gaa gga gaa				1288
Arg Val Val Ala Gln Ser Thr Asn Ser Glu Glu Ile Ile Glu Gly Glu				
	270	275	280	
tat aat acg gtg atg ctg gca ata gga aga gat gct tgc aca aga aaa				1336
Tyr Asn Thr Val Met Leu Ala Ile Gly Arg Asp Ala Cys Thr Arg Lys				
	285	290	295	
att ggc tta gaa acc gta ggg gtg aag ata aat gaa aag act gga aaa				1384
Ile Gly Leu Glu Thr Val Gly Val Lys Ile Asn Glu Lys Thr Gly Lys				
300	305	310	315	
ata cct gtc aca gat gaa gaa cag acc aat gtg cct tac atc tat gcc				1432
Ile Pro Val Thr Asp Glu Glu Gln Thr Asn Val Pro Tyr Ile Tyr Ala				
	320	325	330	
att ggc gat ata ttg gag gat aag gtg gag ctc acc cca gtt gca atc				1480
Ile Gly Asp Ile Leu Glu Asp Lys Val Glu Leu Thr Pro Val Ala Ile				
	335	340	345	
cag gca gga aga ttg ctg gct cag agg ctc tat gca ggt tcc act gtc				1528
Gln Ala Gly Arg Leu Leu Ala Gln Arg Leu Tyr Ala Gly Ser Thr Val				
	350	355	360	
aag tgt gac tat gaa aat gtt cca acc act gta ttt act cct ttg gaa				1576
Lys Cys Asp Tyr Glu Asn Val Pro Thr Thr Val Phe Thr Pro Leu Glu				
	365	370	375	
tat ggt gct tgt ggc ctt tct gag gag aaa gct gtg gag aag ttt ggg				1624

Tyr Gly Ala Cys Gly Leu Ser Glu Glu Lys Ala Val Glu Lys Phe Gly
 380 385 390 395
 gaa gaa aat att gag gtt tac cat agt tac ttt tgg cca ttg gaa tgg 1672
 Glu Glu Asn Ile Glu Val Tyr His Ser Tyr Phe Trp Pro Leu Glu Trp
 400 405 410
 acg att ccg tca aga gat aac aac aaa tgt tat gca aaa ata atc tgt 1720
 Thr Ile Pro Ser Arg Asp Asn Asn Lys Cys Tyr Ala Lys Ile Ile Cys
 415 420 425
 aat act aaa gac aat gaa cgt gtt gtg ggc ttt cac gta ctg ggt cca 1768
 Asn Thr Lys Asp Asn Glu Arg Val Val Gly Phe His Val Leu Gly Pro
 430 435 440
 aat gct gga gaa gtt aca caa ggc ttt gca gct gcg ctc aaa tgt gga 1816
 Asn Ala Gly Glu Val Thr Gln Gly Phe Ala Ala Ala Leu Lys Cys Gly
 445 450 455
 ctg acc aaa aag cag ctg gac agc aca att gga atc cac cct gtc tgt 1864
 Leu Thr Lys Lys Gln Leu Asp Ser Thr Ile Gly Ile His Pro Val Cys
 460 465 470 475
 gca gag gta ttc aca aca ttg tct gtg acc aag cgc tct ggg gca agc 1912
 Ala Glu Val Phe Thr Thr Leu Ser Val Thr Lys Arg Ser Gly Ala Ser
 480 485 490
 atc ctc cag gct ggc tgc tgaggttaag cccagtggtg gatgctgttg 1960
 Ile Leu Gln Ala Gly Cys
 495
 ccaagactgc aaaccactgg ctcgtttccg tgcccaaata caaggcgaag ttttctagag 2020
 gggtcttggg ctcttggcac ctgcgtgtcc tgtgcttacc accgccaag gccccttgg 2080
 atctcttggg taggagttgg tgaatagaag gcaggcagca tcacactggg gtcactgaca 2140
 gacttgaagc tgacatttgg cagggcatcg aagggatgca tccatgaagt caccagtctc 2200
 aagcccatgt ggtaggcggt gatggaacaa ctgtcaaata agtttttagca tgacctttcc 2260
 ttgtggattt tcttattctc gttgtcaagt tttctagggt tgaattttt tcttttttct 2320

ccatggtgtt aatgatatta gagatgaaaa acgtagcag ttgatttttg tccaaaagca 2380
 agtcatggct agagtatcca tgcaagggtgt cttgttgcag ggaaggata gtttggctcc 2440
 cttggaggct atgiaggctt gtcccgggaa agagaactgt cctgcagctg aaatggactg 2500
 ttctttactg acctgctcag cagtttcttc tctcatatat tcccaaaaca agtacatctg 2560
 cgaatcaactc tagccaaatt tgcctcgtg tgcacatga tggatgatta ttattttaag 2620
 gtctgtttag gaagggaat ggctacttgg ccagccattg cctggcattt ggtagtatag 2680
 tatgattctc accattatit gtcatggagg cagacataca ccagaaatgg gggagaaaca 2740
 gtacatatct ttctgtcttt agtttatgt gtgctggtct aagcaagctg agatcatttg 2800
 caatggaaaa cacgtaactt gtttaaaagt tttcttgga gcttttagctt tatgctaaaa 2860
 aaaataatga cattgggtat ctatttcttt ctaagacata cattagtagg aaaataagtc 2920
 ttttcatgct tatgatttag ctgttttggt gtaattgctt tttaaaggaa gttattaata 2980
 tcataagtta ttattaatat tttgaacaca ggtggatgtg aaggattttc atttaaaaac 3040
 caagtgggtt tgactttttc tgttgaatga acaactgtgc cttgtggaat ttttgcagaa 3100
 gtgtttatgc tttgttagca tttcaacttg cattattata aagaggtatt aatgcctcag 3160
 ttatgtgttt gtcaatgtac tggctgagga ttctatctca gctgtctttt ctaactgtgt 3220
 aggttgagtt ttgaacacgt gcttgtggac atcagcctcc tgccagcagt tcttgaagct 3280
 tctttttcat tcttctact ctacctgtat ttctcagttg cagcactgag tggatcaaat 3340
 acatttctgg gccacctcag ggaacccatg catctgcctg gcatttaggc agcagagccc 3400
 ctgaccgtcc cccacaggct ctgcctcacg tctcatctc atttggctgt gtaaagaaat 3460
 gggaaaaggg aaaaggagag agcaattgag gcagttgacc atattcagtt ttatttatit 3520
 atttttaatt tgtttttttc tccaagtcca ccagtctctg aaattagaac agtaggcggt 3580
 atgagataat caggcctaatt catgttgtga ttctcttttc ttagtggagt ggaatgttct 3640
 atccccacaa gaaggattat atcttataga cttgtcttgt tcagattctg tatttaccca 3700
 ttttattgaa acatatacta agttccatgt atttttgtta caaatcttct gaaaaaaaac 3760
 aaaacaatgt gaaacattaa aattaaaagg cattaataat aaaaaaaaaa aaaaaaa 3817

【 0 3 2 7 】

<210> 2

<211> 497

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 2

Met	Asn	Gly	Pro	Glu	Asp	Leu	Pro	Lys	Ser	Tyr	Asp	Tyr	Asp	Leu	Ile
1				5				10						15	
Ile	Ile	Gly	Gly	Gly	Ser	Gly	Gly	Leu	Ala	Ala	Ala	Lys	Glu	Ala	Ala
			20					25						30	
Gln	Tyr	Gly	Lys	Lys	Val	Met	Val	Leu	Asp	Phe	Val	Thr	Pro	Thr	Pro
			35					40						45	
Leu	Gly	Thr	Arg	Trp	Gly	Leu	Gly	Gly	Thr	Cys	Val	Asn	Val	Gly	Cys
		50				55						60			
Ile	Pro	Lys	Lys	Leu	Met	His	Gln	Ala	Ala	Leu	Leu	Gly	Gln	Ala	Leu
65					70					75					80
Gln	Asp	Ser	Arg	Asn	Tyr	Gly	Trp	Lys	Val	Glu	Glu	Thr	Val	Lys	His
				85						90					95
Asp	Trp	Asp	Arg	Met	Ile	Glu	Ala	Val	Gln	Asn	His	Ile	Gly	Ser	Leu
				100						105					110
Asn	Trp	Gly	Tyr	Arg	Val	Ala	Leu	Arg	Glu	Lys	Lys	Val	Val	Tyr	Glu
			115					120						125	
Asn	Ala	Tyr	Gly	Gln	Phe	Ile	Gly	Pro	His	Arg	Ile	Lys	Ala	Thr	Asn
			130					135						140	
Asn	Lys	Gly	Lys	Glu	Lys	Ile	Tyr	Ser	Ala	Glu	Ser	Phe	Leu	Ile	Ala
145					150					155					160
Thr	Gly	Glu	Arg	Pro	Arg	Tyr	Leu	Gly	Ile	Pro	Gly	Asp	Lys	Glu	Tyr
				165						170					175
Cys	Ile	Ser	Ser	Asp	Asp	Leu	Phe	Ser	Leu	Pro	Tyr	Cys	Pro	Gly	Lys
				180						185					190
Thr	Leu	Val	Val	Gly	Ala	Ser	Tyr	Val	Ala	Leu	Glu	Cys	Ala	Gly	Phe
				195						200					205
Leu	Ala	Gly	Ile	Gly	Leu	Gly	Val	Thr	Val	Met	Val	Arg	Ser	Ile	Leu

210	215	220	
Leu Arg Gly Phe Asp Gln Asp Met Ala Asn Lys Ile Gly Glu His Met			
225	230	235	240
Glu Glu His Gly Ile Lys Phe Ile Arg Gln Phe Val Pro Ile Lys Val			
245	250	255	
Glu Gln Ile Glu Ala Gly Thr Pro Gly Arg Leu Arg Val Val Ala Gln			
260	265	270	
Ser Thr Asn Ser Glu Glu Ile Ile Glu Gly Glu Tyr Asn Thr Val Met			
275	280	285	
Leu Ala Ile Gly Arg Asp Ala Cys Thr Arg Lys Ile Gly Leu Glu Thr			
290	295	300	
Val Gly Val Lys Ile Asn Glu Lys Thr Gly Lys Ile Pro Val Thr Asp			
305	310	315	320
Glu Glu Gln Thr Asn Val Pro Tyr Ile Tyr Ala Ile Gly Asp Ile Leu			
325	330	335	
Glu Asp Lys Val Glu Leu Thr Pro Val Ala Ile Gln Ala Gly Arg Leu			
340	345	350	
Leu Ala Gln Arg Leu Tyr Ala Gly Ser Thr Val Lys Cys Asp Tyr Glu			
355	360	365	
Asn Val Pro Thr Thr Val Phe Thr Pro Leu Glu Tyr Gly Ala Cys Gly			
370	375	380	
Leu Ser Glu Glu Lys Ala Val Glu Lys Phe Gly Glu Glu Asn Ile Glu			
385	390	395	400
Val Tyr His Ser Tyr Phe Trp Pro Leu Glu Trp Thr Ile Pro Ser Arg			
405	410	415	
Asp Asn Asn Lys Cys Tyr Ala Lys Ile Ile Cys Asn Thr Lys Asp Asn			
420	425	430	
Glu Arg Val Val Gly Phe His Val Leu Gly Pro Asn Ala Gly Glu Val			
435	440	445	

Thr Gln Gly Phe Ala Ala Ala Leu Lys Cys Gly Leu Thr Lys Lys Gln
 450 455 460
 Leu Asp Ser Thr Ile Gly Ile His Pro Val Cys Ala Glu Val Phe Thr
 465 470 475 480
 Thr Leu Ser Val Thr Lys Arg Ser Gly Ala Ser Ile Leu Gln Ala Gly
 485 490 495
 Cys

【 0 3 2 8 】

<210> 3
 <211> 1487
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens
 <220>
 <221> CDS
 <222> (6)..(938)
 <400> 3

ggagc atg cgg ggc gcg gcg cgg gcg gca tgg ggg cgc gcg ggg cag ccg 50
 Met Arg Gly Ala Ala Arg Ala Ala Trp Gly Arg Ala Gly Gln Pro
 1 5 10 15
 tgg ccg cga ccc ccc gcc ccg ggc ccg ccc ccg ccg ctc ccg ctg 98
 Trp Pro Arg Pro Pro Ala Pro Gly Pro Pro Pro Pro Pro Leu Pro Leu
 20 25 30
 ctg ctc ctg ctc ctg gcc ggg ctg ctg ggc ggc gcg ggc gcg cag tac 146
 Leu Leu Leu Leu Leu Ala Gly Leu Leu Gly Gly Ala Gly Ala Gln Tyr
 35 40 45
 tcc agc gac cgg tgc agc tgg aag ggg agc ggg ctg acg cac gag gca 194
 Ser Ser Asp Arg Cys Ser Trp Lys Gly Ser Gly Leu Thr His Glu Ala
 50 55 60
 cac agg aag gag gtg gag cag gtg tat ctg cgc tgt gcg gcg ggt gcc 242

His Arg Lys Glu Val Glu Gln Val Tyr Leu Arg Cys Ala Ala Gly Ala
65 70 75
gtg gag tgg atg tac cca aca ggt gct ctc atc gtt aac ctg cgg ccc 290
Val Glu Trp Met Tyr Pro Thr Gly Ala Leu Ile Val Asn Leu Arg Pro
80 85 90 95
aac acc ttc tcg cct gcc cgg cac ctg acc gtg tgc atc agg tcc ttc 338
Asn Thr Phe Ser Pro Ala Arg His Leu Thr Val Cys Ile Arg Ser Phe
100 105 110
acg gac tcc tcg ggg gcc aat att tat ttg gaa aaa act gga gaa ctg 386
Thr Asp Ser Ser Gly Ala Asn Ile Tyr Leu Glu Lys Thr Gly Glu Leu
115 120 125
aga ctg ctg gta ccg gac ggg gac ggc agg ccc ggc cgg gtg cag tgt 434
Arg Leu Leu Val Pro Asp Gly Asp Gly Arg Pro Gly Arg Val Gln Cys
130 135 140
ttt ggc ctg gag cag ggc ggc ctg ttc gtg gag gcc acg ccg cag cag 482
Phe Gly Leu Glu Gln Gly Gly Leu Phe Val Glu Ala Thr Pro Gln Gln
145 150 155
gat atc ggc cgg agg acc aca ggc ttc cag tac gag ctg gtt agg agg 530
Asp Ile Gly Arg Arg Thr Thr Gly Phe Gln Tyr Glu Leu Val Arg Arg
160 165 170 175
cac agg gcg tcg gac ctg cac gag ctg tct gcg ccg tgc cgt ccc tgc 578
His Arg Ala Ser Asp Leu His Glu Leu Ser Ala Pro Cys Arg Pro Cys
180 185 190
agt gac acc gag gtg ctc cta gcc gtc tgc acc agc gac ttc gcc gtt 626
Ser Asp Thr Glu Val Leu Leu Ala Val Cys Thr Ser Asp Phe Ala Val
195 200 205
cga ggc tcc atc cag caa gtt acc cac gag cct gag cgg cag gac tca 674
Arg Gly Ser Ile Gln Gln Val Thr His Glu Pro Glu Arg Gln Asp Ser
210 215 220

gcc atc cac ctg cgc gtg agc aga ctc tat cgg cag aaa agc agg gtc 722
 Ala Ile His Leu Arg Val Ser Arg Leu Tyr Arg Gln Lys Ser Arg Val
 225 230 235
 ttc gag ccg gtg ccc gag ggt gac ggc cac tgg cag ggg cgc gtc agg 770
 Phe Glu Pro Val Pro Glu Gly Asp Gly His Trp Gln Gly Arg Val Arg
 240 245 250 255
 acg ctg ctg gag tgt ggc gtg cgg ccg ggg cat ggc gac ttc ctc ttc 818
 Thr Leu Leu Glu Cys Gly Val Arg Pro Gly His Gly Asp Phe Leu Phe
 260 265 270
 act ggc cac atg cac ttc ggg gag gcg cgg ctc ggc tgt gcc cca cgc 866
 Thr Gly His Met His Phe Gly Glu Ala Arg Leu Gly Cys Ala Pro Arg
 275 280 285
 ttc aag gac ttc cag agg atg tac agg gat gcc cag gag agg ggg ctg 914
 Phe Lys Asp Phe Gln Arg Met Tyr Arg Asp Ala Gln Glu Arg Gly Leu
 290 295 300
 aac cct tgt gag gtt ggc acg gac tgactccgtg ggccgctgcc cttcctctcc 968
 Asn Pro Cys Glu Val Gly Thr Asp
 305 310
 tgatgagtca caggctgcgg tgggcgctgc ggtcctggtg gggccgtgcg gtgagggcca 1028
 cgcgctggga gccgctgcc ctgggccag tcctgaccct ggtaccgaag ctgtggacgt 1088
 tctcgccaca ctcaacccca tgagcttcca gccaaggatg ccctggccga ttggaaatgc 1148
 tgtaaaatgc aaactaagtt attatatattt tttttggtaa aaaagaaatg tccataggaa 1208
 acaaattcct gtgtcttaaa acgccttggt gtgccgtctg atactgttct ctaaagacgt 1268
 taggagtcac ggcatctggc ctgcggttgg gtgaagcact ggccgttggg cacagtggat 1328
 gtgtgaaaag gtgccattca gagttgttat tctcatgacg gaagtttttg agccaaataa 1388
 tacgtttttt attttcattt tatttttaaa ggatgagctt tggtcctttt caggccgccg 1448
 gttgtttccg ttcccagaaa taaagacgag gatccgacc 1487

【 0 3 2 9 】

<210> 4

<211> 311

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 4

Met Arg Gly Ala Ala Arg Ala Ala Trp Gly Arg Ala Gly Gln Pro Trp
1 5 10 15
Pro Arg Pro Pro Ala Pro Gly Pro Pro Pro Pro Pro Leu Pro Leu Leu
20 25 30
Leu Leu Leu Leu Ala Gly Leu Leu Gly Gly Ala Gly Ala Gln Tyr Ser
35 40 45
Ser Asp Arg Cys Ser Trp Lys Gly Ser Gly Leu Thr His Glu Ala His
50 55 60
Arg Lys Glu Val Glu Gln Val Tyr Leu Arg Cys Ala Ala Gly Ala Val
65 70 75 80
Glu Trp Met Tyr Pro Thr Gly Ala Leu Ile Val Asn Leu Arg Pro Asn
85 90 95
Thr Phe Ser Pro Ala Arg His Leu Thr Val Cys Ile Arg Ser Phe Thr
100 105 110
Asp Ser Ser Gly Ala Asn Ile Tyr Leu Glu Lys Thr Gly Glu Leu Arg
115 120 125
Leu Leu Val Pro Asp Gly Asp Gly Arg Pro Gly Arg Val Gln Cys Phe
130 135 140
Gly Leu Glu Gln Gly Gly Leu Phe Val Glu Ala Thr Pro Gln Gln Asp
145 150 155 160
Ile Gly Arg Arg Thr Thr Gly Phe Gln Tyr Glu Leu Val Arg Arg His
165 170 175
Arg Ala Ser Asp Leu His Glu Leu Ser Ala Pr Cys Arg Pro Cys Ser
180 185 190
Asp Thr Glu Val Leu Leu Ala Val Cys Thr Ser Asp Phe Ala Val Arg

195	200	205
Gly Ser Ile Gln Gln Val Thr His Glu Pro Glu Arg Gln Asp Ser Ala		
210	215	220
Ile His Leu Arg Val Ser Arg Leu Tyr Arg Gln Lys Ser Arg Val Phe		
225	230	235
Glu Pro Val Pro Glu Gly Asp Gly His Trp Gln Gly Arg Val Arg Thr		
245	250	255
Leu Leu Glu Cys Gly Val Arg Pro Gly His Gly Asp Phe Leu Phe Thr		
260	265	270
Gly His Met His Phe Gly Glu Ala Arg Leu Gly Cys Ala Pro Arg Phe		
275	280	285
Lys Asp Phe Gln Arg Met Tyr Arg Asp Ala Gln Glu Arg Gly Leu Asn		
290	295	300
Pro Cys Glu Val Gly Thr Asp		
305	310	

【0 3 3 0】

<210> 5

<211> 2820

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (49)..(2664)

<400> 5

ctcccaaagc agaattgcag ctgccgccgc cgccacctcc aggccact atg gcg cct 57

Met Ala Pro

1

ggg gct gcc cag gag ctt cag gcc aag ttg gca gag atc gga gct ccg 105

Gly Ala Ala Gln Glu Leu Gln Ala Lys Leu Ala Glu Ile Gly Ala Pro

5	10	15	
atc cag ggt aat cgc gag gag ctg gtg gag cgg ctg cag agc tac acc	153		
Ile Gln Gly Asn Arg Glu Glu Leu Val Glu Arg Leu Gln Ser Tyr Thr			
20	25	30	35
cgc cag act ggc atc glg ctg aat cgg ccg gtt ttg aga ggg gaa gat	201		
Arg Gln Thr Gly Ile Val Leu Asn Arg Pro Val Leu Arg Gly Glu Asp			
40	45	50	
ggg gac aaa gcc gct cca cct ccc atg tcg gca cag ctc cct gga att	249		
Gly Asp Lys Ala Ala Pro Pro Pro Met Ser Ala Gln Leu Pro Gly Ile			
55	60	65	
ccc atg cca cca cca cct ttg gga ctc ccc cct ctg cag cct cct ccg	297		
Pro Met Pro Pro Pro Pro Leu Gly Leu Pro Pro Leu Gln Pro Pro Pro			
70	75	80	
cca ccc cca cca cct cca cca ggc ctt ggc ctt ggc ttt cct atg gcc	345		
Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Gly Leu Gly Leu Gly Phe Pro Met Ala			
85	90	95	
cac cca cca aat ttg ggg ccc ccg cct cct ctc cgt gtg ggt gag cca	393		
His Pro Pro Asn Leu Gly Pro Pro Pro Pro Leu Arg Val Gly Glu Pro			
100	105	110	115
gtg gca ctg tca gag gag gag cgg ctg aag ttg gct cag cag cag gcg	441		
Val Ala Leu Ser Glu Glu Glu Arg Leu Lys Leu Ala Gln Gln Gln Ala			
120	125	130	
gca ttg ctg atg cag cag gag gag cgt gcc aag cag cag gga gat cat	489		
Ala Leu Leu Met Gln Gln Glu Glu Arg Ala Lys Gln Gln Gly Asp His			
135	140	145	
tcg ctg aag gaa cat gag ctc ttg gag cag cag aag cgg gca gct gtg	537		
Ser Leu Lys Glu His Glu Leu Leu Glu Gln Gln Lys Arg Ala Ala Val			
150	155	160	
tta ctg gag cag gaa cga cag cag gag att gcc aag atg ggc acc cca	585		

Leu Leu Glu Gln Glu Arg Gln Gln Glu Ile Ala Lys Met Gly Thr Pro
 165 170 175
 gtc cct cgg ccc cca caa gac atg ggc cag att ggt gtg cgc act cct 633
 Val Pro Arg Pro Pro Gln Asp Met Gly Gln Ile Gly Val Arg Thr Pro
 180 185 190 195
 ctg ggt cct cga gta gct gct cca gtg ggc cca gtg ggc ccc act cct 681
 Leu Gly Pro Arg Val Ala Ala Pro Val Gly Pro Val Gly Pro Thr Pro
 200 205 210
 aca gtt ttg ccc atg gga gcc cct gtt ccc cgg cct cgt ggt ccc cca 729
 Thr Val Leu Pro Met Gly Ala Pro Val Pro Arg Pro Arg Gly Pro Pro
 215 220 225
 ccg ccc cct gga gat gag aac aga gag atg gat gac ccc tct gtg ggc 777
 Pro Pro Pro Gly Asp Glu Asn Arg Glu Met Asp Asp Pro Ser Val Gly
 230 235 240
 ccc aag atc ccc cag gct ttg gag aag atc ctg cag ctg aag gag agc 825
 Pro Lys Ile Pro Gln Ala Leu Glu Lys Ile Leu Gln Leu Lys Glu Ser
 245 250 255
 cgc cag gaa gag atg aat tct cag cag gag gaa gag gaa atg gaa aca 873
 Arg Gln Glu Glu Met Asn Ser Gln Gln Glu Glu Glu Glu Met Glu Thr
 260 265 270 275
 gat gct cgc tcg tcc ctg ggc cag tca gcg tca gag act gag gag gac 921
 Asp Ala Arg Ser Ser Leu Gly Gln Ser Ala Ser Glu Thr Glu Glu Asp
 280 285 290
 aca gtg tcc gta tct aaa aag gag aaa aac cgg aag cgt agg aac cga 969
 Thr Val Ser Val Ser Lys Lys Glu Lys Asn Arg Lys Arg Arg Asn Arg
 295 300 305
 aag aag aag aaa aag ccc cag cgg gtg cga ggg gtg tcc tct gag agc 1017
 Lys Lys Lys Lys Lys Pro Gln Arg Val Arg Gly Val Ser Ser Glu Ser
 310 315 320

tct ggg gac cgg gag aaa gac tca acc cgg tcc cgt ggc tct gat tcc	1065
Ser Gly Asp Arg Glu Lys Asp Ser Thr Arg Ser Arg Gly Ser Asp Ser	
325 330 335	
cca gca gct gat gtt gag att gag tat gtg act gaa gaa cct gaa att	1113
Pro Ala Ala Asp Val Glu Ile Glu Tyr Val Thr Glu Glu Pro Glu Ile	
340 345 350 355	
tac gag ccc aac ttt atc ttc ttt aag agg atc ttt gag gct ttt aag	1161
Tyr Glu Pro Asn Phe Ile Phe Phe Lys Arg Ile Phe Glu Ala Phe Lys	
360 365 370	
ctc act gat gat gtg aag aag gag aaa gag aaa gag cca gag aaa ctt	1209
Leu Thr Asp Asp Val Lys Lys Glu Lys Glu Lys Glu Pro Glu Lys Leu	
375 380 385	
gac aaa ctg gag aac tct gca gcc ccc aag aag aag gga ttt gaa gag	1257
Asp Lys Leu Glu Asn Ser Ala Ala Pro Lys Lys Lys Gly Phe Glu Glu	
390 395 400	
gag cac aag gac agt gat gat gac agc agt gat gac gag cag gaa aag	1305
Glu His Lys Asp Ser Asp Asp Asp Ser Ser Asp Asp Glu Gln Glu Lys	
405 410 415	
aag cca gaa gcc ccc aag ctg tcc aag aag aag ttg cgc cga atg aac	1353
Lys Pro Glu Ala Pro Lys Leu Ser Lys Lys Lys Leu Arg Arg Met Asn	
420 425 430 435	
cgc ttc act gtg gct gaa ctc aag cag ctg gtg gct cgg ccc gat gtc	1401
Arg Phe Thr Val Ala Glu Leu Lys Gln Leu Val Ala Arg Pro Asp Val	
440 445 450	
gtg gag atg cac gat gtg aca gcg cag gac cct aag ctc ttg gtt cac	1449
Val Glu Met His Asp Val Thr Ala Gln Asp Pro Lys Leu Leu Val His	
455 460 465	
ctc aag gcc act cgg aac tct gtg cct gtg cca cgc cac tgg tgt ttt	1497
Leu Lys Ala Thr Arg Asn Ser Val Pro Val Pro Arg His Trp Cys Phe	

470	475	480	
aag cgc aaa tac ctg cag ggc aaa cgg ggc att gag aag ccc ccc ttc			1545
Lys Arg Lys Tyr Leu Gln Gly Lys Arg Gly Ile Glu Lys Pro Pro Phe			
485	490	495	
gag ctg cca gac ttc atc aaa cgc aca ggc atc cag gag atg cga gag			1593
Glu Leu Pro Asp Phe Ile Lys Arg Thr Gly Ile Gln Glu Met Arg Glu			
500	505	510	515
gcc ctg cag gag aag gaa gaa cag aag acc atg aag tca aaa atg cga			1641
Ala Leu Gln Glu Lys Glu Glu Gln Lys Thr Met Lys Ser Lys Met Arg			
520	525	530	
gag aaa gtt cgg cct aag atg ggc aaa att gac atc gac tac cag aaa			1689
Glu Lys Val Arg Pro Lys Met Gly Lys Ile Asp Ile Asp Tyr Gln Lys			
535	540	545	
ctg cat gat gcc ttc ttc aag tgg cag acc aag cca aag ctg acc atc			1737
Leu His Asp Ala Phe Phe Lys Trp Gln Thr Lys Pro Lys Leu Thr Ile			
550	555	560	
cat ggg gac ctg tac tat gag ggg aag gag ttc gag aca cga ctg aag			1785
His Gly Asp Leu Tyr Tyr Glu Gly Lys Glu Phe Glu Thr Arg Leu Lys			
565	570	575	
gag aag aag cca gga gat ctg tct gat gag cta agg att tcc ttg ggg			1833
Glu Lys Lys Pro Gly Asp Leu Ser Asp Glu Leu Arg Ile Ser Leu Gly			
580	585	590	595
atg cca gta gga cca aat gcc cac aag gtc cct ccc cca tgg ctg att			1881
Met Pro Val Gly Pro Asn Ala His Lys Val Pro Pro Pro Trp Leu Ile			
600	605	610	
gcc atg cag cga tat gga cca ccc cca tcg tat ccc aac ctg aaa atc			1929
Ala Met Gln Arg Tyr Gly Pro Pro Pro Ser Tyr Pro Asn Leu Lys Ile			
615	620	625	
cct ggg ctg aac tcg ccc atc cct gag agc tgt tcc ttt ggg tac cat			1977

Pro Gly Leu Asn Ser Pro Ile Pro Glu Ser Cys Ser Phe Gly Tyr His	
630	635
gct ggt ggc tgg ggc aaa cct cca gtg gat gag act ggg aaa ccg ctc	2025
Ala Gly Gly Trp Gly Lys Pro Pro Val Asp Glu Thr Gly Lys Pro Leu	
645	650
tat ggg gac gtg ttt gga acc aat gct gct gaa ttt cag acc aag act	2073
Tyr Gly Asp Val Phe Gly Thr Asn Ala Ala Glu Phe Gln Thr Lys Thr	
660	665
gag gaa gaa gag att gat cgg acc cct tgg ggg gaa ctg gaa cca tct	2121
Glu Glu Glu Glu Ile Asp Arg Thr Pro Trp Gly Glu Leu Glu Pro Ser	
680	685
gat gaa gaa tcc tca gaa gaa gag gaa gag gaa gaa agt gat gaa gac	2169
Asp Glu Glu Ser Ser Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Ser Asp Glu Asp	
695	700
aaa cca gat gag aca ggc ttt att acc cct gca gac agt ggc ctt atc	2217
Lys Pro Asp Glu Thr Gly Phe Ile Thr Pro Ala Asp Ser Gly Leu Ile	
710	715
act cct gga ggc ttt tca tca gtg cct gct gga atg gag acc cct gaa	2265
Thr Pro Gly Gly Phe Ser Ser Val Pro Ala Gly Met Glu Thr Pro Glu	
725	730
ctc att gag ctg agg aag aag aag att gag gag gcg atg gac gga agt	2313
Leu Ile Glu Leu Arg Lys Lys Lys Ile Glu Glu Ala Met Asp Gly Ser	
740	745
gag aca cct cag ctc ttc act gtg ttg cca gag aag aga aca gcc act	2361
Glu Thr Pro Gln Leu Phe Thr Val Leu Pro Glu Lys Arg Thr Ala Thr	
760	765
gtt gga ggg gcc atg atg gga tca acc cac att tat gac atg tcc acg	2409
Val Gly Gly Ala Met Met Gly Ser Thr His Ile Tyr Asp Met Ser Thr	
775	780
	785

gtt atg agc cgg aag ggc ccg gct cct gag ctg caa ggt gtg gaa gtg 2457

Val Met Ser Arg Lys Gly Pro Ala Pro Glu Leu Gln Gly Val Glu Val

790

795

800

gcg ctg gcg cct gaa gag ttg gag ctg gat cct atg gcc atg acc cag 2505

Ala Leu Ala Pro Glu Glu Leu Glu Leu Asp Pro Met Ala Met Thr Gln

805

810

815

aag tat gag gag cat gtg cgg gag cag cag gct caa gta gag aag gag 2553

Lys Tyr Glu Glu His Val Arg Glu Gln Gln Ala Gln Val Glu Lys Glu

820

825

830

835

gac ttc agt gac atg gtg gct gag cac gct gcc aaa cag aag caa aaa 2601

Asp Phe Ser Asp Met Val Ala Glu His Ala Ala Lys Gln Lys Gln Lys

840

845

850

aaa cgg aaa gct cag ccc cag gac agc cgt ggg ggc agc aag aaa tat 2649

Lys Arg Lys Ala Gln Pro Gln Asp Ser Arg Gly Gly Ser Lys Lys Tyr

855

860

865

aag gag ttc aag ttt taggtcccct cacactagcc ctttttttgg ccctacgtct 2704

Lys Glu Phe Lys Phe

870

ggatgcctgg gcttcacaca agaaccacct ctcccgcagt tcccaaggac ttgtcatttc 2764

atgttcttat ttttagacctg ttttgtaaataaagctgttt cccaaggaaa gagatg 2820

【 0 3 3 1 】

<210> 6

<211> 872

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 6

Met Ala Pro Gly Ala Ala Gln Glu Leu Gln Ala Lys Leu Ala Glu Ile

1

5

10

15

Gly Ala Pro Ile Gln Gly Asn Arg Glu Glu Leu Val Glu Arg Leu Gln

20	25	30
Ser Tyr Thr Arg Gln Thr Gly Ile Val Leu Asn Arg Pro Val Leu Arg		
35	40	45
Gly Glu Asp Gly Asp Lys Ala Ala Pro Pro Pro Met Ser Ala Gln Leu		
50	55	60
Pro Gly Ile Pro Met Pro Pro Pro Pro Leu Gly Leu Pro Pro Leu Gln		
65	70	75
Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Pro Gly Leu Gly Leu Gly Phe		
85	90	95
Pro Met Ala His Pro Pro Asn Leu Gly Pro Pro Pro Pro Leu Arg Val		
100	105	110
Gly Glu Pro Val Ala Leu Ser Glu Glu Glu Arg Leu Lys Leu Ala Gln		
115	120	125
Gln Gln Ala Ala Leu Leu Met Gln Gln Glu Glu Arg Ala Lys Gln Gln		
130	135	140
Gly Asp His Ser Leu Lys Glu His Glu Leu Leu Glu Gln Gln Lys Arg		
145	150	155
Ala Ala Val Leu Leu Glu Gln Glu Arg Gln Gln Glu Ile Ala Lys Met		
165	170	175
Gly Thr Pro Val Pro Arg Pro Pro Gln Asp Met Gly Gln Ile Gly Val		
180	185	190
Arg Thr Pro Leu Gly Pro Arg Val Ala Ala Pro Val Gly Pro Val Gly		
195	200	205
Pro Thr Pro Thr Val Leu Pro Met Gly Ala Pro Val Pro Arg Pro Arg		
210	215	220
Gly Pro Pro Pro Pro Pro Gly Asp Glu Asn Arg Glu Met Asp Asp Pro		
225	230	235
Ser Val Gly Pro Lys Ile Pro Gln Ala Leu Glu Lys Ile Leu Gln Leu		
245	250	255

Lys Glu Ser Arg Gln Glu Glu Met Asn Ser Gln Gln Glu Glu Glu Glu
 260 265 270
 Met Glu Thr Asp Ala Arg Ser Ser Leu Gly Gln Ser Ala Ser Glu Thr
 275 280 285
 Glu Glu Asp Thr Val Ser Val Ser Lys Lys Glu Lys Asn Arg Lys Arg
 290 295 300
 Arg Asn Arg Lys Lys Lys Lys Lys Pro Gln Arg Val Arg Gly Val Ser
 305 310 315 320
 Ser Glu Ser Ser Gly Asp Arg Glu Lys Asp Ser Thr Arg Ser Arg Gly
 325 330 335
 Ser Asp Ser Pro Ala Ala Asp Val Glu Ile Glu Tyr Val Thr Glu Glu
 340 345 350
 Pro Glu Ile Tyr Glu Pro Asn Phe Ile Phe Phe Lys Arg Ile Phe Glu
 355 360 365
 Ala Phe Lys Leu Thr Asp Asp Val Lys Lys Glu Lys Glu Lys Glu Pro
 370 375 380
 Glu Lys Leu Asp Lys Leu Glu Asn Ser Ala Ala Pro Lys Lys Lys Gly
 385 390 395 400
 Phe Glu Glu Glu His Lys Asp Ser Asp Asp Asp Ser Ser Asp Asp Glu
 405 410 415
 Gln Glu Lys Lys Pro Glu Ala Pro Lys Leu Ser Lys Lys Lys Leu Arg
 420 425 430
 Arg Met Asn Arg Phe Thr Val Ala Glu Leu Lys Gln Leu Val Ala Arg
 435 440 445
 Pro Asp Val Val Glu Met His Asp Val Thr Ala Gln Asp Pro Lys Leu
 450 455 460
 Leu Val His Leu Lys Ala Thr Arg Asn Ser Val Pro Val Pro Arg His
 465 470 475 480
 Trp Cys Phe Lys Arg Lys Tyr Leu Gln Gly Lys Arg Gly Ile Glu Lys

485	490	495
Pro Pro Phe Glu Leu Pro Asp Phe Ile Lys Arg Thr Gly Ile Gln Glu		
500	505	510
Met Arg Glu Ala Leu Gln Glu Lys Glu Glu Gln Lys Thr Met Lys Ser		
515	520	525
Lys Met Arg Glu Lys Val Arg Pro Lys Met Gly Lys Ile Asp Ile Asp		
530	535	540
Tyr Gln Lys Leu His Asp Ala Phe Phe Lys Trp Gln Thr Lys Pro Lys		
545	550	555
Leu Thr Ile His Gly Asp Leu Tyr Tyr Glu Gly Lys Glu Phe Glu Thr		
565	570	575
Arg Leu Lys Glu Lys Lys Pro Gly Asp Leu Ser Asp Glu Leu Arg Ile		
580	585	590
Ser Leu Gly Met Pro Val Gly Pro Asn Ala His Lys Val Pro Pro Pro		
595	600	605
Trp Leu Ile Ala Met Gln Arg Tyr Gly Pro Pro Pro Ser Tyr Pro Asn		
610	615	620
Leu Lys Ile Pro Gly Leu Asn Ser Pro Ile Pro Glu Ser Cys Ser Phe		
625	630	635
Gly Tyr His Ala Gly Gly Trp Gly Lys Pro Pro Val Asp Glu Thr Gly		
645	650	655
Lys Pro Leu Tyr Gly Asp Val Phe Gly Thr Asn Ala Ala Glu Phe Gln		
660	665	670
Thr Lys Thr Glu Glu Glu Glu Ile Asp Arg Thr Pro Trp Gly Glu Leu		
675	680	685
Glu Pro Ser Asp Glu Glu Ser Ser Glu Glu Glu Glu Glu Glu Ser		
690	695	700
Asp Glu Asp Lys Pro Asp Glu Thr Gly Phe Ile Thr Pr Ala Asp Ser		
705	710	715
		720

Gly Leu Ile Thr Pro Gly Gly Phe Ser Ser Val Pro Ala Gly Met Glu

725

730

735

Thr Pro Glu Leu Ile Glu Leu Arg Lys Lys Lys Ile Glu Glu Ala Met

740

745

750

Asp Gly Ser Glu Thr Pro Gln Leu Phe Thr Val Leu Pro Glu Lys Arg

755

760

765

Thr Ala Thr Val Gly Gly Ala Met Met Gly Ser Thr His Ile Tyr Asp

770

775

780

Met Ser Thr Val Met Ser Arg Lys Gly Pro Ala Pro Glu Leu Gln Gly

785

790

795

800

Val Glu Val Ala Leu Ala Pro Glu Glu Leu Glu Leu Asp Pro Met Ala

805

810

815

Met Thr Gln Lys Tyr Glu Glu His Val Arg Glu Gln Gln Ala Gln Val

820

825

830

Glu Lys Glu Asp Phe Ser Asp Met Val Ala Glu His Ala Ala Lys Gln

835

840

845

Lys Gln Lys Lys Arg Lys Ala Gln Pro Gln Asp Ser Arg Gly Gly Ser

850

855

860

Lys Lys Tyr Lys Glu Phe Lys Phe

865

870

【 0 3 3 2 】

<210> 7

<211> 2433

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (214)..(1146)

<400> 7

atgccagccc caaacctcat ccctagtggg gcccttgctg atgtggaagt ggccagggcc 60
ctcatggttag gctgggcaga agcccaagaa caggctctaa agctgctaaa cccggcagtc 120
ctggtccccg gaggtctctg ccagtctgac agtgttcttg gcactgctca aagggtccag 180
cagctggggt tccccgtcag cccgtgagcg gcc atg tcc aac ccc agc gcc cca 234

Met Ser Asn Pro Ser Ala Pro

1

5

cca cca tat gaa gac cgc aac ccc ctg tac cca ggc cct ccg ccc cct 282
Pro Pro Tyr Glu Asp Arg Asn Pro Leu Tyr Pro Gly Pro Pro Pro Pro

10

15

20

ggg ggc tat ggg cag cca tct gtc ctg cca gga ggg tat cct gcc tac 330
Gly Gly Tyr Gly Gln Pro Ser Val Leu Pro Gly Gly Tyr Pro Ala Tyr

25

30

35

cct ggc tac ccg cag cct ggc tac ggt cac cct gct ggc tac cca cag 378
Pro Gly Tyr Pro Gln Pro Gly Tyr Gly His Pro Ala Gly Tyr Pro Gln

40

45

50

55

ccc atg ccc ccc acc cac ccg atg ccc atg aac tac ggc cca ggc cat 426
Pro Met Pro Pro Thr His Pro Met Pro Met Asn Tyr Gly Pro Gly His

60

65

70

ggc tat gat ggg gag gag aga gcg gtg agt gat agc ttc ggg cct gga 474
Gly Tyr Asp Gly Glu Glu Arg Ala Val Ser Asp Ser Phe Gly Pro Gly

75

80

85

gag tgg gat gac cgg aaa gtg cga cac act ttt atc cga aag gtt tac 522
Glu Trp Asp Asp Arg Lys Val Arg His Thr Phe Ile Arg Lys Val Tyr

90

95

100

tcc atc atc tcc gtg cag ctg ctc atc act gtg gcc atc att gct atc 570
Ser Ile Ile Ser Val Gln Leu Leu Ile Thr Val Ala Ile Ile Ala Ile

105

110

115

ttc acc ttt gtg gaa cct gtc agc gcc ttt gtg agg aga aat gtg gct 618
Phe Thr Phe Val Glu Pro Val Ser Ala Phe Val Arg Arg Asn Val Ala

120	125	130	135	
gtc tac tac gtg tcc tat gct gtc ttc gtt gtc acc tac ctg atc ctt	666			
Val Tyr Tyr Val Ser Tyr Ala Val Phe Val Val Thr Tyr Leu Ile Leu				
140	145	150		
gcc tgc tgc cag gga ccc aga cgc cgt ttc cca tgg aac atc att ctg	714			
Ala Cys Cys Gln Gly Pro Arg Arg Arg Phe Pro Trp Asn Ile Ile Leu				
155	160	165		
ctg acc ctt ttt act ttt gcc atg ggc ttc atg acg ggc acc att tcc	762			
Leu Thr Leu Phe Thr Phe Ala Met Gly Phe Met Thr Gly Thr Ile Ser				
170	175	180		
agt atg tac caa acc aaa gcc gtc atc att gca atg atc atc act gcg	810			
Ser Met Tyr Gln Thr Lys Ala Val Ile Ile Ala Met Ile Ile Thr Ala				
185	190	195		
gtg gta tcc att tca gtc acc atc ttc tgc ttt cag acc aag gtg gac	858			
Val Val Ser Ile Ser Val Thr Ile Phe Cys Phe Gln Thr Lys Val Asp				
200	205	210	215	
ttc acc tcg tgc aca ggc ctc ttc tgt gtc ctg gga att gtg ctc ctg	906			
Phe Thr Ser Cys Thr Gly Leu Phe Cys Val Leu Gly Ile Val Leu Leu				
220	225	230		
gtg act ggg att gtc act agc att gtg ctc tac ttc caa tac gtt tac	954			
Val Thr Gly Ile Val Thr Ser Ile Val Leu Tyr Phe Gln Tyr Val Tyr				
235	240	245		
tgg ctc cac atg ctc tat gct gct ctg ggg gcc att tgt ttc acc ctg	1002			
Trp Leu His Met Leu Tyr Ala Ala Leu Gly Ala Ile Cys Phe Thr Leu				
250	255	260		
ttc ctg gct tac gac aca cag ctg gtc ctg ggg aac cgg aag cac acc	1050			
Phe Leu Ala Tyr Asp Thr Gln Leu Val Leu Gly Asn Arg Lys His Thr				
265	270	275		
atc agc ccc gag gac tac atc act ggc gcc ctg cag att tac aca gac	1098			

Ile Ser Pro Glu Asp Tyr Ile Thr Gly Ala Leu Gln Ile Tyr Thr Asp
 280 285 290 295
 atc atc tac atc ttc acc ttt gtg ctg cag ctg atg ggg gat cgc aat 1146
 Ile Ile Tyr Ile Phe Thr Phe Val Leu Gln Leu Met Gly Asp Arg Asn
 300 305 310
 taaggagcaa gcccccatit tcacccgatic ctgggcctc ccttccaagc tagagggctg 1206
 ggccctatga ctgtggctcg ggcttttaggc ccccttcctt ccccttgagt aacatgcccc 1266
 gtttcctttc tgtcctggag acaggctggcc tctctggcta tggatgtgtg ggtacttggt 1326
 ggggacggag gagctagggc ctaactgttg ctcttggtgg gcttggcagg gactaggctg 1386
 aagatgtgtc ttctccccgc cacctactgt atgacaccac attcttccta acagctgggg 1446
 ttgtgaggaa tatgaaaaga gcctattcga tagctagaag ggaatatgaa aggtagaagt 1506
 gacttcaagg tcacgaggtt cccctccac ctctgtcaca ggcttcttga ctacgtagtt 1566
 ggagctatit ctccccag caaagccaga gagctttgtc cccggcctcc tggacacata 1626
 ggccattatc ctgtattcct ttggcttggc atcttttagc tcaggaaggt agaagagatc 1686
 tgtgccccatg ggtctccttg cttcaatccc ttcttgtttc agtgacatat gtattgttta 1746
 tctgggttag ggatggggga cagataatag aacgagcaaa gtaacctata caggccagca 1806
 tggaacagca tctcccctgg gcttgtcctt ggcttgtgac gctataagac agagcaggcc 1866
 acatgtggcc atctgtccc cattcttgaa agctgtctggg gcctccttgc aggcttcttg 1926
 atctctggtc agagtgaact ctgtcttctt gtattcaggc agctcagagc agaaagtaag 1986
 gggcagagtc atacgtgtgg ccaggaagta gccagggtga agagagactc ggtgcgggca 2046
 gggagaatgc ctgggggtcc ctacactggc tagggagata ccgaagccta ctgtggtact 2106
 gaagacttct gggttctttc ctctgtctaa cccaggggagg gtcctaagag gaagggtgact 2166
 tctctctgtt tgtcttaagt tgcactgggg gatttctgac ttgaggccca tctctccagc 2226
 cagccactgc cttctttgta atattaagt ccttgagctg gaatggggaa gggggacaag 2286
 ggtcagtctg tcgggtgggg gcagaaatca aatcagccca aggatatagt taggattaat 2346
 tacttaatag agaaatccta actatatcac acaaagggat acaactataa atgtaataaa 2406
 atttatgtct agaagtt 2423

【 0 3 3 3 】

<210> 8

<211> 311

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 8

Met Ser Asn Pro Ser Ala Pro Pro Pro Tyr Glu Asp Arg Asn Pro Leu

1 5 10 15

Tyr Pro Gly Pro Pro Pro Pro Gly Gly Tyr Gly Gln Pro Ser Val Leu

20 25 30

Pro Gly Gly Tyr Pro Ala Tyr Pro Gly Tyr Pro Gln Pro Gly Tyr Gly

35 40 45

His Pro Ala Gly Tyr Pro Gln Pro Met Pro Pro Thr His Pro Met Pro

50 55 60

Met Asn Tyr Gly Pro Gly His Gly Tyr Asp Gly Glu Glu Arg Ala Val

65 70 75 80

Ser Asp Ser Phe Gly Pro Gly Glu Trp Asp Asp Arg Lys Val Arg His

85 90 95

Thr Phe Ile Arg Lys Val Tyr Ser Ile Ile Ser Val Gln Leu Leu Ile

100 105 110

Thr Val Ala Ile Ile Ala Ile Phe Thr Phe Val Glu Pro Val Ser Ala

115 120 125

Phe Val Arg Arg Asn Val Ala Val Tyr Tyr Val Ser Tyr Ala Val Phe

130 135 140

Val Val Thr Tyr Leu Ile Leu Ala Cys Cys Gln Gly Pro Arg Arg Arg

145 150 155 160

Phe Pro Trp Asn Ile Ile Leu Leu Thr Leu Phe Thr Phe Ala Met Gly

165 170 175

Phe Met Thr Gly Thr Ile Ser Ser Met Tyr Gln Thr Lys Ala Val Ile

180 185 190

Ile Ala Met Ile Ile Thr Ala Val Val Ser Ile Ser Val Thr Ile Phe

195	200	205
Cys Phe Gln Thr Lys Val Asp Phe Thr Ser Cys Thr Gly Leu Phe Cys		
210	215	220
Val Leu Gly Ile Val Leu Leu Val Thr Gly Ile Val Thr Ser Ile Val		
225	230	235
Leu Tyr Phe Gln Tyr Val Tyr Trp Leu His Met Leu Tyr Ala Ala Leu		
245	250	255
Gly Ala Ile Cys Phe Thr Leu Phe Leu Ala Tyr Asp Thr Gln Leu Val		
260	265	270
Leu Gly Asn Arg Lys His Thr Ile Ser Pro Glu Asp Tyr Ile Thr Gly		
275	280	285
Ala Leu Gln Ile Tyr Thr Asp Ile Ile Tyr Ile Phe Thr Phe Val Leu		
290	295	300
Gln Leu Met Gly Asp Arg Asn		
305	310	

【 0 3 3 4 】

<210> 9

<211> 4049

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (86)..(2710)

<400> 9

cctcggccct ccgcctcctc cctcctcct tctcgtcttc agccgctcct ctcgccgccg 60
 cctccacagc ctgggcctcg ccgcg atg ccg gag aag agg ccc ttc gag cgg 112
 Met Pro Glu Lys Arg Pro Phe Glu Arg
 1 5
 ctg cct gcc gat gtc tcc ccc atc aac tac agc ctt tgc ctc aag ccc 160

出証特 2000-3089932

tca aac atg aat gta att gac cgg aaa cca tac cct gat gat gaa aat 640
 Ser Asn Met Asn Val Ile Asp Arg Lys Pro Tyr Pro Asp Asp Glu Asn
 170 175 180 185
 tta gtg gaa gtg aag ttt gcc cgc aca cct gtt atg tct aca tat ctg 688
 Leu Val Glu Val Lys Phe Ala Arg Thr Pro Val Met Ser Thr Tyr Leu
 190 195 200
 gtg gca ttt gtt gtg ggt gaa tat gac ttt gta gaa aca agg tca aaa 736
 Val Ala Phe Val Val Gly Glu Tyr Asp Phe Val Glu Thr Arg Ser Lys
 205 210 215
 gat ggt gtg tgt gtc cgt gtt tac act cct gtt ggc aaa gca gag caa 784
 Asp Gly Val Cys Val Arg Val Tyr Thr Pro Val Gly Lys Ala Glu Gln
 220 225 230
 gga aaa ttt gcg tta gag gtt gct gct aaa acc ttg cct ttt tat aag 832
 Gly Lys Phe Ala Leu Glu Val Ala Ala Lys Thr Leu Pro Phe Tyr Lys
 235 240 245
 gac tac ttc aat gtt cct tat cct cta cct aaa att gat ctc att gct 880
 Asp Tyr Phe Asn Val Pro Tyr Pro Leu Pro Lys Ile Asp Leu Ile Ala
 250 255 260 265
 att gca gac ttt gca gct ggt gcc atg gag aac tgg ggc ctt gtt act 928
 Ile Ala Asp Phe Ala Ala Gly Ala Met Glu Asn Trp Gly Leu Val Thr
 270 275 280
 tat agg gag act gca ttg ctt att gat cca aaa aat tcc tgt tct tca 976
 Tyr Arg Glu Thr Ala Leu Leu Ile Asp Pro Lys Asn Ser Cys Ser Ser
 285 290 295
 tcc cgc cag tgg gtt gct ctg gtt gtg gga cat gaa ctc gcc cat caa 1024
 Ser Arg Gln Trp Val Ala Leu Val Val Gly His Glu Leu Ala His Gln
 300 305 310
 tgg ttt gga aat ctt gtt act atg gaa tgg tgg act cat ctt tgg tta 1072
 Trp Phe Gly Asn Leu Val Thr Met Glu Trp Trp Thr His Leu Trp Leu

315	320	325	
aat gaa ggt ttt gca tcc tgg att gaa tat ctg tgt gta gac cac tgc			1120
Asn Glu Gly Phe Ala Ser Trp Ile Glu Tyr Leu Cys Val Asp His Cys			
330	335	340	345
ttc cca gag tat gat att tgg act cag ttt gtt tct gct gat tac acc			1168
Phe Pro Glu Tyr Asp Ile Trp Thr Gln Phe Val Ser Ala Asp Tyr Thr			
350	355	360	
cgt gcc cag gag ctt gac gcc tta gat aac agc cat cct att gaa gtc			1216
Arg Ala Gln Glu Leu Asp Ala Leu Asp Asn Ser His Pro Ile Glu Val			
365	370	375	
agt gtg ggc cat cca tct gag gtt gat gag ata ttt gat gct ata tca			1264
Ser Val Gly His Pro Ser Glu Val Asp Glu Ile Phe Asp Ala Ile Ser			
380	385	390	
tat agc aaa ggt gca tct gtc atc cga atg ctg cat gac tac att ggg			1312
Tyr Ser Lys Gly Ala Ser Val Ile Arg Met Leu His Asp Tyr Ile Gly			
395	400	405	
gat aag gac ttt aag aaa gga atg aac atg tat tta acc aag ttc caa			1360
Asp Lys Asp Phe Lys Lys Gly Met Asn Met Tyr Leu Thr Lys Phe Gln			
410	415	420	425
caa aag aat gct gcc aca gag gat ctc tgg gaa agt tta gaa aat gct			1408
Gln Lys Asn Ala Ala Thr Glu Asp Leu Trp Glu Ser Leu Glu Asn Ala			
430	435	440	
agt ggt aaa cct ata gca gct gtg atg aat acc tgg acc aaa caa atg			1456
Ser Gly Lys Pro Ile Ala Ala Val Met Asn Thr Trp Thr Lys Gln Met			
445	450	455	
gga ttt ccc ctc att tat gtg gaa gct gaa cag gta gaa gat gac aga			1504
Gly Phe Pro Leu Ile Tyr Val Glu Ala Glu Gln Val Glu Asp Asp Arg			
460	465	470	
tta ttg agg ttg tcc caa aag aag ttc tgt gct ggt ggg tca tat gtt			1552

Leu	Leu	Arg	Leu	Ser	Gln	Lys	Lys	Phe	Cys	Ala	Gly	Gly	Ser	Tyr	Val		
475						480					485						
ggt	gaa	gat	tgt	ccc	cag	tgg	atg	gtc	cct	atc	aca	atc	tct	act	agt	1600	
Gly	Glu	Asp	Cys	Pro	Gln	Trp	Met	Val	Pro	Ile	Thr	Ile	Ser	Thr	Ser		
490					495					500					505		
gaa	gac	ccc	aac	cag	gcc	aaa	cta	aaa	att	cta	atg	gac	aag	cca	gag	1648	
Glu	Asp	Pro	Asn	Gln	Ala	Lys	Leu	Lys	Ile	Leu	Met	Asp	Lys	Pro	Glu		
				510					515					520			
atg	aat	gtg	gtt	ttg	aaa	aat	gtc	aaa	cca	gac	caa	tgg	gtg	aag	tta	1696	
Met	Asn	Val	Val	Leu	Lys	Asn	Val	Lys	Pro	Asp	Gln	Trp	Val	Lys	Leu		
				525				530						535			
aac	tta	gga	aca	gtt	ggg	ttt	tat	cgg	acc	cag	tac	agc	tct	gcc	atg	1744	
Asn	Leu	Gly	Thr	Val	Gly	Phe	Tyr	Arg	Thr	Gln	Tyr	Ser	Ser	Ala	Met		
				540				545						550			
ctg	gaa	agt	tta	tta	cca	ggc	att	cgt	gac	ctt	tct	ctg	ccc	cct	gtg	1792	
Leu	Glu	Ser	Leu	Leu	Pro	Gly	Ile	Arg	Asp	Leu	Ser	Leu	Pro	Pro	Val		
				555				560						565			
gat	cga	ctt	gga	tta	cag	aat	gac	ctc	ttc	tcc	ttg	gct	cga	gct	gga	1840	
Asp	Arg	Leu	Gly	Leu	Gln	Asn	Asp	Leu	Phe	Ser	Leu	Ala	Arg	Ala	Gly		
570					575					580					585		
atc	att	agc	act	gta	gag	gtt	cta	aaa	gtc	atg	gag	gct	ttt	gtg	aat	1888	
Ile	Ile	Ser	Thr	Val	Glu	Val	Leu	Lys	Val	Met	Glu	Ala	Phe	Val	Asn		
				590					595					600			
gag	ccc	aat	tat	act	gta	tgg	agc	gac	ctg	agc	tgt	aac	ctg	ggg	att	1936	
Glu	Pro	Asn	Tyr	Thr	Val	Trp	Ser	Asp	Leu	Ser	Cys	Asn	Leu	Gly	Ile		
				605					610					615			
ctc	tca	act	ctc	ttg	tcc	cac	aca	gac	ttc	tat	gag	gaa	atc	cag	gag	1984	
Leu	Ser	Thr	Leu	Leu	Ser	His	Thr	Asp	Phe	Tyr	Glu	Glu	Ile	Gln	Glu		
				620				625						630			

ttt gtg aaa gat gtc ttt tca cct ata ggg gag aga ctg ggc tgg gac	2032
Phe Val Lys Asp Val Phe Ser Pro Ile Gly Glu Arg Leu Gly Trp Asp	
635 640 645	
ccc aaa cct gga gaa ggt cat ctc gat gca ctc ctg agg ggc ttg gtt	2080
Pro Lys Pro Gly Glu Gly His Leu Asp Ala Leu Leu Arg Gly Leu Val	
650 655 660 665	
ctg gga aaa cta gga aaa gca gga cat aag gca acg tta gaa gaa gcc	2128
Leu Gly Lys Leu Gly Lys Ala Gly His Lys Ala Thr Leu Glu Glu Ala	
670 675 680	
cgt cgt cgg ttt aag gac cac gtg gaa gga aaa cag att ctc tcc gct	2176
Arg Arg Arg Phe Lys Asp His Val Glu Gly Lys Gln Ile Leu Ser Ala	
685 690 695	
gat ctg agg agt cct gtc tat ctg act gtt ttg aag cat ggt gat ggc	2224
Asp Leu Arg Ser Pro Val Tyr Leu Thr Val Leu Lys His Gly Asp Gly	
700 705 710	
act act tta gat att atg tta aaa ctt cat aaa caa gca gat atg caa	2272
Thr Thr Leu Asp Ile Met Leu Lys Leu His Lys Gln Ala Asp Met Gln	
715 720 725	
gaa gag aaa aac cga atc gaa aga gtc ctt ggc gct act ctt ttg cct	2320
Glu Glu Lys Asn Arg Ile Glu Arg Val Leu Gly Ala Thr Leu Leu Pro	
730 735 740 745	
gac ctg att caa aaa gtc ctc acg ttt gca ctt tca gaa gag gta cgt	2368
Asp Leu Ile Gln Lys Val Leu Thr Phe Ala Leu Ser Glu Glu Val Arg	
750 755 760	
cca cag gac act gta tgc gta att ggt gga gta gct gga ggc agc aag	2416
Pro Gln Asp Thr Val Ser Val Ile Gly Gly Val Ala Gly Gly Ser Lys	
765 770 775	
cat ggt agg aaa gct gct tgg aaa ttc ata aag gac aac tgg gaa gaa	2464
His Gly Arg Lys Ala Ala Trp Lys Phe Ile Lys Asp Asn Trp Glu Glu	

780	785	790	
ctt tat aac cga tac cag gga gga ttc tta ata tcc aga cta ata aag			2512
Leu Tyr Asn Arg Tyr Gln Gly Gly Phe Leu Ile Ser Arg Leu Ile Lys			
795	800	805	
cta tca gtt gag gga ttt gca gtt gat aaa atg gct gga gag gtt aag			2560
Leu Ser Val Glu Gly Phe Ala Val Asp Lys Met Ala Gly Glu Val Lys			
810	815	820	825
gct ttc ttc gag agt cac cca gct cct tca gct gag cgt acc atc cag			2608
Ala Phe Phe Glu Ser His Pro Ala Pro Ser Ala Glu Arg Thr Ile Gln			
830	835	840	
cag tgt tgt gaa aat att ctg ctg aat gct gcc tgg cta aag cga gat			2656
Gln Cys Cys Glu Asn Ile Leu Leu Asn Ala Ala Trp Leu Lys Arg Asp			
845	850	855	
gct gag agc atc cac cag tac ctc ctt cag cgg aag gcc tca cca ccc			2704
Ala Glu Ser Ile His Gln Tyr Leu Leu Gln Arg Lys Ala Ser Pro Pro			
860	865	870	
aca gtg tgaatcctga ggtgccgcca ttggcgggtc tgctgcttcg ctgcagggat			2760
Thr Val			
875			
aaggtggagc taccgaacag ctgattcata tgccaagaat ttggagtctt ctttcaaacc			2820
agtgggggtt ggacaatgaa tgtagttaac tggttcctgc tcacactcca gaattaaatt			2880
ctattgaaaa aggaaaatca gcaattcagc aaaaaaataa ataaaaata aaaatgtaaa			2940
tatgatagta ataaaataga gcataacgaa actgtgaaac tttctgaagc cttgtcagtg			3000
gttaaaagta tttacactc tactgttaat gacagatgtt ctgtttttat aacctaccaa			3060
aaggaaacta gaggttctt ggtgaagagc atttttgtga agtgggttct gcaaggagcc			3120
tataaagcca aggggtgtgt ccatttctgg gaatggttaa acacaaaagg ctgatagctg			3180
gtatcacata gttggagtca gtgcataatt ccaagtggct tttttttttt ttggcacggg			3240
gactgatcag gaagatatat tcctgcataa ctcaatctga accaaggatt gtagtttagt			3300
tttctcctt gccttccctt ctgtgtgacc gacccttgg ccaaaaaaaaa aacaaaaagc			3360

aaaaaacaaa aacctaccct gttctggttt ttttctccc tttagttcca cccccaaccc 3420
 ccattccctg gtgtccttct tagagatgaa gaaataataa ggaaacatct ttcatagcca 3480
 cattaaataa gagaaactga tatacattat ttttttcttt ttaaagatga cttataagaa 3540
 ccctgaaatt tatatagggtg agacaataga aataaaaaga tcttcagcca ggcctttctg 3600
 aaggagtatt tctgctaaaa atggtcttag ttgtctgaaa agccagctct tgaacctctt 3660
 cacaacagta tcaacactgg cttctcccgg ttcattttat gcgtgcgaga agtcagtggg 3720
 aactgctgca gggcttaata cattagtggg aactgggtta aaaaacaaag actgtaagcc 3780
 tgtgtgtgcc actgtttgct tcaacagtat atcctactaa taagcctcac ctatttaatc 3840
 caatgagttt taaatctaaa tctcattccc ttcttcttct cctacctttt ttttcttttt 3900
 ttcttaaaaa aatattttgt gttattaaca gaaattcata tttgggtgtgg cttacggta 3960
 tttcagaagg tcatcagatt gtgagactgc ttccttgaaa catTTTTgtg ctattgtttt 4020
 aaaaaaataa ttaaaaaaca gttggcggt 4049

【 0 3 3 5 】

<210> 10

<211> 875

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 10

Met	Pro	Glu	Lys	Arg	Pro	Phe	Glu	Arg	Leu	Pro	Ala	Asp	Val	Ser	Pro
1					5				10					15	
Ile	Asn	Tyr	Ser	Leu	Cys	Leu	Lys	Pro	Asp	Leu	Leu	Asp	Phe	Thr	Phe
				20				25					30		
Glu	Gly	Lys	Leu	Glu	Ala	Ala	Ala	Gln	Val	Arg	Gln	Ala	Thr	Asn	Gln
		35					40					45			
Ile	Val	Met	Asn	Cys	Ala	Asp	Ile	Asp	Ile	Ile	Thr	Ala	Ser	Tyr	Ala
	50					55				60					
Pro	Glu	Gly	Asp	Glu	Glu	Ile	His	Ala	Thr	Gly	Phe	Asn	Tyr	Gln	Asn
	65				70					75				80	
Glu	Asp	Glu	Lys	Val	Thr	Leu	Ser	Phe	Pro	Ser	Thr	Leu	Gln	Thr	Gly

85	90	95
Thr Gly Thr Leu Lys Ile Asp Phe Val Gly Glu Leu Asn Asp Lys Met		
100	105	110
Lys Gly Phe Tyr Arg Ser Lys Tyr Thr Thr Pro Ser Gly Glu Val Arg		
115	120	125
Tyr Ala Ala Val Thr Gln Phe Glu Ala Thr Asp Ala Arg Arg Ala Phe		
130	135	140
Pro Cys Trp Asp Glu Pro Ala Ile Lys Ala Thr Phe Asp Ile Ser Leu		
145	150	155
Val Val Pro Lys Asp Arg Val Ala Leu Ser Asn Met Asn Val Ile Asp		
165	170	175
Arg Lys Pro Tyr Pro Asp Asp Glu Asn Leu Val Glu Val Lys Phe Ala		
180	185	190
Arg Thr Pro Val Met Ser Thr Tyr Leu Val Ala Phe Val Val Gly Glu		
195	200	205
Tyr Asp Phe Val Glu Thr Arg Ser Lys Asp Gly Val Cys Val Arg Val		
210	215	220
Tyr Thr Pro Val Gly Lys Ala Glu Gln Gly Lys Phe Ala Leu Glu Val		
225	230	235
Ala Ala Lys Thr Leu Pro Phe Tyr Lys Asp Tyr Phe Asn Val Pro Tyr		
245	250	255
Pro Leu Pro Lys Ile Asp Leu Ile Ala Ile Ala Asp Phe Ala Ala Gly		
260	265	270
Ala Met Glu Asn Trp Gly Leu Val Thr Tyr Arg Glu Thr Ala Leu Leu		
275	280	285
Ile Asp Pro Lys Asn Ser Cys Ser Ser Ser Arg Gln Trp Val Ala Leu		
290	295	300
Val Val Gly His Glu Leu Ala His Gln Trp Phe Gly Asn Leu Val Thr		
305	310	315
		320

Met Glu Trp Trp Thr His Leu Trp Leu Asn Glu Gly Phe Ala Ser Trp			
	325	330	335
Ile Glu Tyr Leu Cys Val Asp His Cys Phe Pro Glu Tyr Asp Ile Trp			
	340	345	350
Thr Gln Phe Val Ser Ala Asp Tyr Thr Arg Ala Gln Glu Leu Asp Ala			
	355	360	365
Leu Asp Asn Ser His Pro Ile Glu Val Ser Val Gly His Pro Ser Glu			
	370	375	380
Val Asp Glu Ile Phe Asp Ala Ile Ser Tyr Ser Lys Gly Ala Ser Val			
385	390	395	400
Ile Arg Met Leu His Asp Tyr Ile Gly Asp Lys Asp Phe Lys Lys Gly			
	405	410	415
Met Asn Met Tyr Leu Thr Lys Phe Gln Gln Lys Asn Ala Ala Thr Glu			
	420	425	430
Asp Leu Trp Glu Ser Leu Glu Asn Ala Ser Gly Lys Pro Ile Ala Ala			
	435	440	445
Val Met Asn Thr Trp Thr Lys Gln Met Gly Phe Pro Leu Ile Tyr Val			
	450	455	460
Glu Ala Glu Gln Val Glu Asp Asp Arg Leu Leu Arg Leu Ser Gln Lys			
465	470	475	480
Lys Phe Cys Ala Gly Gly Ser Tyr Val Gly Glu Asp Cys Pro Gln Trp			
	485	490	495
Met Val Pro Ile Thr Ile Ser Thr Ser Glu Asp Pro Asn Gln Ala Lys			
	500	505	510
Leu Lys Ile Leu Met Asp Lys Pro Glu Met Asn Val Val Leu Lys Asn			
	515	520	525
Val Lys Pro Asp Gln Trp Val Lys Leu Asn Leu Gly Thr Val Gly Phe			
	530	535	540
Tyr Arg Thr Gln Tyr Ser Ser Ala Met Leu Glu Ser Leu Leu Pro Gly			

545	550	555	560
Ile Arg Asp Leu Ser Leu Pro Pro Val Asp Arg Leu Gly Leu Gln Asn			
565	570	575	
Asp Leu Phe Ser Leu Ala Arg Ala Gly Ile Ile Ser Thr Val Glu Val			
580	585	590	
Leu Lys Val Met Glu Ala Phe Val Asn Glu Pro Asn Tyr Thr Val Trp			
595	600	605	
Ser Asp Leu Ser Cys Asn Leu Gly Ile Leu Ser Thr Leu Leu Ser His			
610	615	620	
Thr Asp Phe Tyr Glu Glu Ile Gln Glu Phe Val Lys Asp Val Phe Ser			
625	630	635	640
Pro Ile Gly Glu Arg Leu Gly Trp Asp Pro Lys Pro Gly Glu Gly His			
645	650	655	
Leu Asp Ala Leu Leu Arg Gly Leu Val Leu Gly Lys Leu Gly Lys Ala			
660	665	670	
Gly His Lys Ala Thr Leu Glu Glu Ala Arg Arg Arg Phe Lys Asp His			
675	680	685	
Val Glu Gly Lys Gln Ile Leu Ser Ala Asp Leu Arg Ser Pro Val Tyr			
690	695	700	
Leu Thr Val Leu Lys His Gly Asp Gly Thr Thr Leu Asp Ile Met Leu			
705	710	715	720
Lys Leu His Lys Gln Ala Asp Met Gln Glu Glu Lys Asn Arg Ile Glu			
725	730	735	
Arg Val Leu Gly Ala Thr Leu Leu Pro Asp Leu Ile Gln Lys Val Leu			
740	745	750	
Thr Phe Ala Leu Ser Glu Glu Val Arg Pro Gln Asp Thr Val Ser Val			
755	760	765	
Ile Gly Gly Val Ala Gly Gly Ser Lys His Gly Arg Lys Ala Ala Trp			
770	775	780	

Lys Phe Ile Lys Asp Asn Trp Glu Glu Leu Tyr Asn Arg Tyr Gln Gly
 785 790 795 800
 Gly Phe Leu Ile Ser Arg Leu Ile Lys Leu Ser Val Glu Gly Phe Ala
 805 810 815
 Val Asp Lys Met Ala Gly Glu Val Lys Ala Phe Phe Glu Ser His Pro
 820 825 830
 Ala Pro Ser Ala Glu Arg Thr Ile Gln Gln Cys Cys Glu Asn Ile Leu
 835 840 845
 Leu Asn Ala Ala Trp Leu Lys Arg Asp Ala Glu Ser Ile His Gln Tyr
 850 855 860
 Leu Leu Gln Arg Lys Ala Ser Pro Pro Thr Val
 865 870 875

【 0 3 3 6 】

<210> 11
 <211> 2007
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1124)..(1330)
 <400> 11

tctaaaagcc cccttatacc ccactttgtg cagcaaagat ccccgatgcag gtcacagcct 60
 gatttgtggc caggctggac aaattcctga ggcacaactt ggcttcagtt cagatttcaa 120
 gctgtgttgg tgttgggacc agcagaaggc aaacgtccag ccaacacaca ggactgtaag 180
 aggactctga gctacgtgcc ctgtgaagac cccaggcctt tgtcatagga ggatcgttcag 240
 ctccccaaa gtcagagggtg atttgatttg gggaagactg aatattcaca cctaagtcgt 300
 gagcatatcc tgagttttac ttccttatgg ctigccctcc aagttctctc tctcatacac 360
 acacacaccc ttgctccaga atcaccagac acctccatgg ctccagctat gggaacagct 420
 gcattggggc tgcctttctg tttggcttag gaacttctgt gcttcttctg gctccactcg 480

cgaggcagct cggaggtgtg gactccgatt gggctgcagg cagctctggg acggcacagg 540
 gcgggcgctc tgatcagctc gtgtaaaaca caccgtcttc ttggcctcct ggcagttctt 600
 tctgcgaata gtcctctccc tggccagttg aatgggggaa gctgctggca caggaaggag 660
 aggcgatccc ggctgaggct taggaaattg ctggagccgg ctccaagcag ataattcact 720
 ggggagggtt tcagagtcaa acatcattct gcctgtkttg ggggccaggt gtgtcacaca 780
 agcatctcaa agtcaaaagc catctggggc tgctgcttct ctttctcagg ctctggggaa 840
 aggaatctcc ctctcctctc acttgattcc aagtgtggtt gaattgtctg gagcactggg 900
 actttttttc tcttttctt gatggaccaa cagtgc aaat gcaatctcgc catttaactt 960
 tcaggctgat ttcctttcct gatcagacat ctttgtgccc ctttaggaa ggaaaagaat 1020
 acacctacga tgtgccaggc actgtgttag gcgcttttat atagatcctc gttaggatga 1080
 gactaaggga tgaggacatc tctttataaa aggcccctaa gta atg gat aaa cag 1135

Met Asp Lys Gln

1

aaa cac tta gag gtg aga agg tct gtc ttc aag atc caa ggt aag att 1183
 Lys His Leu Glu Val Arg Arg Ser Val Phe Lys Ile Gln Gly Lys Ile
 5 10 15 20
 gcc ttc agt ctg atg ttt gtt ctc aag gac tta tcc cct aca ata ttc 1231
 Ala Phe Ser Leu Met Phe Val Leu Lys Asp Leu Ser Pro Thr Ile Phe
 25 30 35
 tcc cac tcc ata ctt ctc ctt cta ccc cac cat gtg ctc ccg tgc act 1279
 Ser His Ser Ile Leu Leu Leu Leu Pro His His Val Leu Pro Cys Thr
 40 45 50
 cct cag atg gtc aga ggg gta acc caa gtc ctt aga gaa ttt ggg gac 1327
 Pro Gln Met Val Arg Gly Val Thr Gln Val Leu Arg Glu Phe Gly Asp
 55 60 65
 caa tagaatatgt gatgtgtgaa ttttctttaa aaaacttaag gagtctttgc 1380
 Gln
 taccttctgc ttgttgagtt gttttggcat tcatattaaa agccagcatc tcactattta 1440
 ttgacagggtt gggctgtgtg tgtgcgcatg tgtgtataca tttccaggcg tgcctgtgtc 1500

ctgtagcttt ttaaaaggaa acccagtcac cccactatga atctggcatc ttcttatgct 1560
 tctagtgttt tggccataca tcaaccaagg ggtttaattt atccaatgct tgacgacatg 1620
 ttcaggaggg gctggatcaa attttgagag ggttatggga aagggagggg gagaagaaat 1680
 tgacatttat tttattattt attttaaatg tttacatctt ctttatgttg tatcaagcct 1740
 gaatagaaac tgatagcatt aaaatacicc gtccctctct ccttctctgc ttcctttttt 1800
 ttttttttta aatttaggat aacacatttt tgtttctaaa gtgatttgig atttgtgctg 1860
 tataaactgt ataaaagggt ctgtttttaa aggtggattt tcattcctct ggggacagtg 1920
 gtcgccaaga catctacatt gtaagagaac acagtgggaag atcctgtcct gattctcaaa 1980
 aattattttc tctgtatgat taaaagt 2007

【 0 3 3 7 】

<210> 12

<211> 69

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 12

Met Asp Lys Gln Lys His Leu Glu Val Arg Arg Ser Val Phe Lys Ile

1 5 10 15

Gln Gly Lys Ile Ala Phe Ser Leu Met Phe Val Leu Lys Asp Leu Ser

20 25 30

Pro Thr Ile Phe Ser His Ser Ile Leu Leu Leu Leu Pro His His Val

35 40 45

Leu Pro Cys Thr Pro Gln Met Val Arg Gly Val Thr Gln Val Leu Arg

50 55 60

Glu Phe Gly Asp Gln

65

【 0 3 3 8 】

<210> 13

<211> 1953

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (135)..(1850)

<400> 13

```

acgcctgccca ggagcaagcc gaagagccag ccggccggcg cactccgact ccgagcagtc 60
tctgtccttc gacccgagcc ccgcgccctt tccgggaccc ctgccccgcg ggcagcgctg 120
ccaacctgcc ggcc atg gag acc ccg tcc cag cgg cgc gcc acc cgc agc 170
      Met Glu Thr Pro Ser Gln Arg Arg Ala Thr Arg Ser
            1              5              10
ggg gcg cag gcc agc tcc act ccg ctg tcg ccc acc cgc atc acc cgg 218
Gly Ala Gln Ala Ser Ser Thr Pro Leu Ser Pro Thr Arg Ile Thr Arg
      15              20              25
ctg cag gag aag gag gac ctg cag gag ctc aat gat cgc ttg gcg gtc 266
Leu Gln Glu Lys Glu Asp Leu Gln Glu Leu Asn Asp Arg Leu Ala Val
      30              35              40
tac atc gac cgt gtg cgc tcg ctg gaa acg gag aac gca ggg ctg cgc 314
Tyr Ile Asp Arg Val Arg Ser Leu Glu Thr Glu Asn Ala Gly Leu Arg
      45              50              55              60
ctt cgc atc acc gag tct gaa gag gtg gtc agc cgc gag gtg tcc ggc 362
Leu Arg Ile Thr Glu Ser Glu Glu Val Val Ser Arg Glu Val Ser Gly
            65              70              75
atc aag gcc gcc tac gag gcc gag ctc ggg gat gcc cgc aag acc ctt 410
Ile Lys Ala Ala Tyr Glu Ala Glu Leu Gly Asp Ala Arg Lys Thr Leu
            80              85              90
gac tca gta gcc aag gag cgc gcc cgc ctg cag ctg gag ctg agc aaa 458
Asp Ser Val Ala Lys Glu Arg Ala Arg Leu Gln Leu Glu Leu Ser Lys
            95              100              105
gtg cgt gag gag ttt aag gag ctg aaa gcg cgc aat acc aag aag gag 506

```

Val Arg Glu Glu Phe Lys Glu Leu Lys Ala Arg Asn Thr Lys Lys Glu	
110 115 120	
ggt gac ctg ata gct gct cag gct cgg ctg aag gac ctg gag gct ctg	554
Gly Asp Leu Ile Ala Ala Gln Ala Arg Leu Lys Asp Leu Glu Ala Leu	
125 130 135 140	
ctg aac tcc aag gag gcc gca ctg agc act gct ctc agt gag aag cgc	602
Leu Asn Ser Lys Glu Ala Ala Leu Ser Thr Ala Leu Ser Glu Lys Arg	
145 150 155	
acg ctg gag ggc gag ctg cat gat ctg cgg ggc cag gtg gcc aag ctt	650
Thr Leu Glu Gly Glu Leu His Asp Leu Arg Gly Gln Val Ala Lys Leu	
160 165 170	
gag gca gcc cta ggt gag gcc aag aag caa ctt cag gat gag atg ctg	698
Glu Ala Ala Leu Gly Glu Ala Lys Lys Gln Leu Gln Asp Glu Met Leu	
175 180 185	
cgg cgg gtg gat gct gag aac agg ctg cag acc atg aag gag gaa ctg	746
Arg Arg Val Asp Ala Glu Asn Arg Leu Gln Thr Met Lys Glu Glu Leu	
190 195 200	
gac ttc cag aag aac atc tac agt gag gag ctg cgt gag acc aag cgc	794
Asp Phe Gln Lys Asn Ile Tyr Ser Glu Glu Leu Arg Glu Thr Lys Arg	
205 210 215 220	
cgt cat gag acc cga ctg gtg gag att gac aat ggg aag cag cgt gag	842
Arg His Glu Thr Arg Leu Val Glu Ile Asp Asn Gly Lys Gln Arg Glu	
225 230 235	
ttt gag agc cgg ctg gcg gat gcg ctg cag gaa ctg cgg gcc cag cat	890
Phe Glu Ser Arg Leu Ala Asp Ala Leu Gln Glu Leu Arg Ala Gln His	
240 245 250	
gag gac cag gtg gag cag tat aag aag gag ctg gag aag act tat tct	938
Glu Asp Gln Val Glu Gln Tyr Lys Lys Glu Leu Glu Lys Thr Tyr Ser	
255 260 265	

gcc aag ctg gac aat gcc agg cag tct gct gag agg aac agc aac ctg	986
Ala Lys Leu Asp Asn Ala Arg Gln Ser Ala Glu Arg Asn Ser Asn Leu	
270 275 280	
gtg ggg gct gcc cac gag gag ctg cag cag tcg cgc atc cgc atc gac	1034
Val Gly Ala Ala His Glu Glu Leu Gln Gln Ser Arg Ile Arg Ile Asp	
285 290 295 300	
agc ctc tct gcc cag ctc agc cag ctc cag aag cag ctg gca gcc aag	1082
Ser Leu Ser Ala Gln Leu Ser Gln Leu Gln Lys Gln Leu Ala Ala Lys	
305 310 315	
gag gcg aag ctt cga gac ctg gag gac tca ctg gcc cgt gag cgg gac	1130
Glu Ala Lys Leu Arg Asp Leu Glu Asp Ser Leu Ala Arg Glu Arg Asp	
320 325 330	
acc agc cgg cgg ctg ctg gcg gaa aag gag cgg gag atg gcc gag atg	1178
Thr Ser Arg Arg Leu Leu Ala Glu Lys Glu Arg Glu Met Ala Glu Met	
335 340 345	
cgg gca agg atg cag cag cag ctg gac gag tac cag gag ctt ctg gac	1226
Arg Ala Arg Met Gln Gln Gln Leu Asp Glu Tyr Gln Glu Leu Leu Asp	
350 355 360	
atc aag ctg gcc ctg gac atg gag atc cac gcc tac cgc aag ctc ttg	1274
Ile Lys Leu Ala Leu Asp Met Glu Ile His Ala Tyr Arg Lys Leu Leu	
365 370 375 380	
gag ggc gag gag gag agg cta cgc ctg tcc ccc agc cct acc tcg cag	1322
Glu Gly Glu Glu Glu Arg Leu Arg Leu Ser Pro Ser Pro Thr Ser Gln	
385 390 395	
cgc agc cgt ggc cgt gct tcc tct cac tca tcc cag aca cag ggt ggg	1370
Arg Ser Arg Gly Arg Ala Ser Ser His Ser Ser Gln Thr Gln Gly Gly	
400 405 410	
ggc agc gtc acc aaa aag cgc aaa ctg gag tcc act gag agc cgc agc	1418
Gly Ser Val Thr Lys Lys Arg Lys Leu Glu Ser Thr Glu Ser Arg Ser	

415	420	425	
agc ttc tca cag cac gca cgc act agc ggg cgc gtg gcc gtg gag gag			1466
Ser Phe Ser Gln His Ala Arg Thr Ser Gly Arg Val Ala Val Glu Glu			
430	435	440	
gtg gat gag gag ggc aag ttt gtc cgg ctg cgc aac aag tcc aat gag			1514
Val Asp Glu Glu Gly Lys Phe Val Arg Leu Arg Asn Lys Ser Asn Glu			
445	450	455	460
gac cag tcc atg ggc aat tgg cag atc aag cgc cag aat gga gat gat			1562
Asp Gln Ser Met Gly Asn Trp Gln Ile Lys Arg Gln Asn Gly Asp Asp			
465	470	475	
ccc ttg ctg act tac cgg ttc cca cca aag ttc acc ctg aag gct ggg			1610
Pro Leu Leu Thr Tyr Arg Phe Pro Pro Lys Phe Thr Leu Lys Ala Gly			
480	485	490	
cag gtg gtg acg atc tgg gct gca gga gct ggg gcc acc cac agc ccc			1658
Gln Val Val Thr Ile Trp Ala Ala Gly Ala Gly Ala Thr His Ser Pro			
495	500	505	
cct acc gac ctg gtg tgg aag gca cag aac acc tgg ggc tgc ggg aac			1706
Pro Thr Asp Leu Val Trp Lys Ala Gln Asn Thr Trp Gly Cys Gly Asn			
510	515	520	
agc ctg cgt acg gct ctc atc aac tcc act ggg gaa gaa gtg gcc atg			1754
Ser Leu Arg Thr Ala Leu Ile Asn Ser Thr Gly Glu Glu Val Ala Met			
525	530	535	540
cgc aag ctg gtg cgc tca gtg act gtg gtt gag gac gac gag gat gag			1802
Arg Lys Leu Val Arg Ser Val Thr Val Val Glu Asp Asp Glu Asp Glu			
545	550	555	
gat gga gat gac ctg ctc cat cac cac cac gtg agt ggt agc cgc cgc			1850
Asp Gly Asp Asp Leu Leu His His His His Val Ser Gly Ser Arg Arg			
560	565	570	
tgaggccgag cctgcactgg ggccaccagc caggcctggg ggcagcctct cccagcctc			1910

cccggtgccaa aaatcttttc attaaagaat gttttggaac ttt

1953

【 0 3 3 9 】

<210> 14

<211> 572

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 14

Met Glu Thr Pro Ser Gln Arg Arg Ala Thr Arg Ser Gly Ala Gln Ala

1 5 10 15

Ser Ser Thr Pro Leu Ser Pro Thr Arg Ile Thr Arg Leu Gln Glu Lys

20 25 30

Glu Asp Leu Gln Glu Leu Asn Asp Arg Leu Ala Val Tyr Ile Asp Arg

35 40 45

Val Arg Ser Leu Glu Thr Glu Asn Ala Gly Leu Arg Leu Arg Ile Thr

50 55 60

Glu Ser Glu Glu Val Val Ser Arg Glu Val Ser Gly Ile Lys Ala Ala

65 70 75 80

Tyr Glu Ala Glu Leu Gly Asp Ala Arg Lys Thr Leu Asp Ser Val Ala

85 90 95

Lys Glu Arg Ala Arg Leu Gln Leu Glu Leu Ser Lys Val Arg Glu Glu

100 105 110

Phe Lys Glu Leu Lys Ala Arg Asn Thr Lys Lys Glu Gly Asp Leu Ile

115 120 125

Ala Ala Gln Ala Arg Leu Lys Asp Leu Glu Ala Leu Leu Asn Ser Lys

130 135 140

Glu Ala Ala Leu Ser Thr Ala Leu Ser Glu Lys Arg Thr Leu Glu Gly

145 150 155 160

Glu Leu His Asp Leu Arg Gly Gln Val Ala Lys Leu Glu Ala Ala Leu

165 170 175

Gly Glu Ala Lys Lys Gln Leu Gln Asp Glu Met Leu Arg Arg Val Asp
 180 185 190
 Ala Glu Asn Arg Leu Gln Thr Met Lys Glu Glu Leu Asp Phe Gln Lys
 195 200 205
 Asn Ile Tyr Ser Glu Glu Leu Arg Glu Thr Lys Arg Arg His Glu Thr
 210 215 220
 Arg Leu Val Glu Ile Asp Asn Gly Lys Gln Arg Glu Phe Glu Ser Arg
 225 230 235 240
 Leu Ala Asp Ala Leu Gln Glu Leu Arg Ala Gln His Glu Asp Gln Val
 245 250 255
 Glu Gln Tyr Lys Lys Glu Leu Glu Lys Thr Tyr Ser Ala Lys Leu Asp
 260 265 270
 Asn Ala Arg Gln Ser Ala Glu Arg Asn Ser Asn Leu Val Gly Ala Ala
 275 280 285
 His Glu Glu Leu Gln Gln Ser Arg Ile Arg Ile Asp Ser Leu Ser Ala
 290 295 300
 Gln Leu Ser Gln Leu Gln Lys Gln Leu Ala Ala Lys Glu Ala Lys Leu
 305 310 315 320
 Arg Asp Leu Glu Asp Ser Leu Ala Arg Glu Arg Asp Thr Ser Arg Arg
 325 330 335
 Leu Leu Ala Glu Lys Glu Arg Glu Met Ala Glu Met Arg Ala Arg Met
 340 345 350
 Gln Gln Gln Leu Asp Glu Tyr Gln Glu Leu Leu Asp Ile Lys Leu Ala
 355 360 365
 Leu Asp Met Glu Ile His Ala Tyr Arg Lys Leu Leu Glu Gly Glu Glu
 370 375 380
 Glu Arg Leu Arg Leu Ser Pro Ser Pro Thr Ser Gln Arg Ser Arg Gly
 385 390 395 400
 Arg Ala Ser Ser His Ser Ser Gln Thr Gln Gly Gly Gly Ser Val Thr

405	410	415
Lys Lys Arg Lys Leu Glu Ser Thr Glu Ser Arg Ser Ser Phe Ser Gln		
420	425	430
His Ala Arg Thr Ser Gly Arg Val Ala Val Glu Glu Val Asp Glu Glu		
435	440	445
Gly Lys Phe Val Arg Leu Arg Asn Lys Ser Asn Glu Asp Gln Ser Met		
450	455	460
Gly Asn Trp Gln Ile Lys Arg Gln Asn Gly Asp Asp Pro Leu Leu Thr		
465	470	475
Tyr Arg Phe Pro Pro Lys Phe Thr Leu Lys Ala Gly Gln Val Val Thr		
485	490	495
Ile Trp Ala Ala Gly Ala Gly Ala Thr His Ser Pro Pro Thr Asp Leu		
500	505	510
Val Trp Lys Ala Gln Asn Thr Trp Gly Cys Gly Asn Ser Leu Arg Thr		
515	520	525
Ala Leu Ile Asn Ser Thr Gly Glu Glu Val Ala Met Arg Lys Leu Val		
530	535	540
Arg Ser Val Thr Val Val Glu Asp Asp Glu Asp Glu Asp Gly Asp Asp		
545	550	555
Leu Leu His His His His Val Ser Gly Ser Arg Arg		
565	570	

【 0 3 4 0 】

<210> 15

<211> 2865

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (240)..(1475)

<400> 15

cacaccgcca gtctgtgcgc tgagtcggag ccagaggccg cggggacacc gggccatgca 60
 cgcccccaac tgaagctgca tctcaaagcc gaagattcca gcagcccagg ggatttcaaa 120
 gagctcagac tcagaggaac atctgcggag agacccccga agccctctcc agggcagtcc 180
 tcatccagac gctccgtag tgcagacagg agcgcgcagt ggccccggct cgcgcgcgc 239
 atg gag cgg atc ccc agc gcg caa cca ccc ccc gcc tgc ctg ccc aaa 287
 Met Glu Arg Ile Pro Ser Ala Gln Pro Pro Pro Ala Cys Leu Pro Lys
 1 5 10 15
 gca ccg gga ctg gag cac cga gac cta cca ggg atg tac cct gcc cac 335
 Ala Pro Gly Leu Glu His Arg Asp Leu Pro Gly Met Tyr Pro Ala His
 20 25 30
 atg tac caa gtg tac aag tca aga cgg gga ata aag cgg agc gag gac 383
 Met Tyr Gln Val Tyr Lys Ser Arg Arg Gly Ile Lys Arg Ser Glu Asp
 35 40 45
 agc aag gag acc tac aaa ttg ccg cac cgg ctc ttc gag aaa aag aga 431
 Ser Lys Glu Thr Tyr Lys Leu Pro His Arg Leu Phe Glu Lys Lys Arg
 50 55 60
 cgt gac cgg att aac gag tgc atc gcc cag ctg aag gat ctc cta ccc 479
 Arg Asp Arg Ile Asn Glu Cys Ile Ala Gln Leu Lys Asp Leu Leu Pro
 65 70 75 80
 gaa cat ctc aaa ctt aca act ttg ggt cac ttg gaa aaa gca gtg gtt 527
 Glu His Leu Lys Leu Thr Thr Leu Gly His Leu Glu Lys Ala Val Val
 85 90 95
 ctt gaa ctt acc ttg aag cat gtg aaa gca cta aca aac cta att gat 575
 Leu Glu Leu Thr Leu Lys His Val Lys Ala Leu Thr Asn Leu Ile Asp
 100 105 110
 cag cag cag cag aaa atc att gcc ctg cag agt ggt tta caa gct ggt 623
 Gln Gln Gln Gln Lys Ile Ile Ala Leu Gln Ser Gly Leu Gln Ala Gly
 115 120 125

gag ctg tca ggg aga aat gtc gaa aca ggt caa gag atg ttc tgc tca	671
Glu Leu Ser Gly Arg Asn Val Glu Thr Gly Gln Glu Met Phe Cys Ser	
130 135 140	
ggt ttc cag aca tgt gcc cgg gag gtg ctt cag tat ctg gcc aag cac	719
Gly Phe Gln Thr Cys Ala Arg Glu Val Leu Gln Tyr Leu Ala Lys His	
145 150 155 160	
gag aac act cgg gac ctg aag tct tcg cag ctt gtc acc cac ctc cac	767
Glu Asn Thr Arg Asp Leu Lys Ser Ser Gln Leu Val Thr His Leu His	
165 170 175	
cgg gtg gtc tcg gag ctg ctg cag ggt ggt acc tcc agg aag cca tca	815
Arg Val Val Ser Glu Leu Leu Gln Gly Gly Thr Ser Arg Lys Pro Ser	
180 185 190	
gac cca gct ccc aaa gtg atg gac ttc aag gaa aaa ccc agc tct ccg	863
Asp Pro Ala Pro Lys Val Met Asp Phe Lys Glu Lys Pro Ser Ser Pro	
195 200 205	
gcc aaa ggt tcg gaa ggt cct ggg aaa aac tgc gtg cca gtc atc cag	911
Ala Lys Gly Ser Glu Gly Pro Gly Lys Asn Cys Val Pro Val Ile Gln	
210 215 220	
cgg act ttc gct cac tcg agt ggg gag cag agc ggc agc gac acg gac	959
Arg Thr Phe Ala His Ser Ser Gly Glu Gln Ser Gly Ser Asp Thr Asp	
225 230 235 240	
aca gac agt ggc tat gga gga gat tcg gag aag ggc gac ttg cgc agt	1007
Thr Asp Ser Gly Tyr Gly Gly Asp Ser Glu Lys Gly Asp Leu Arg Ser	
245 250 255	
gag cag ccg tgc ttc aaa agt gac cac gga cgc agg ttc acg atg gga	1055
Glu Gln Pro Cys Phe Lys Ser Asp His Gly Arg Arg Phe Thr Met Gly	
260 265 270	
gaa agg atc ggc gca att aag caa gag tcc gaa gaa ccc ccc aca aaa	1103
Glu Arg Ile Gly Ala Ile Lys Gln Glu Ser Glu Glu Pro Pro Thr Lys	

275	280	285	
aag aac cgg atg cag ctt tcg gat gat gaa ggc cat ttc act agc agt			1151
Lys Asn Arg Met Gln Leu Ser Asp Asp Glu Gly His Phe Thr Ser Ser			
290	295	300	
gac ctg atc agc tcc ccg ttc ctg ggc cca cac cca cac cag cct cct			1199
Asp Leu Ile Ser Ser Pro Phe Leu Gly Pro His Pro His Gln Pro Pro			
305	310	315	320
ttc tgc ctg ccc ttc tac ctg atc cca cct tca gcg act gcc tac ctg			1247
Phe Cys Leu Pro Phe Tyr Leu Ile Pro Pro Ser Ala Thr Ala Tyr Leu			
325	330	335	
ccc atg ctg gag aag tgc tgg tat ccc acc tca gtg cca gtg cta tac			1295
Pro Met Leu Glu Lys Cys Trp Tyr Pro Thr Ser Val Pro Val Leu Tyr			
340	345	350	
cca ggc ctc aac gcc tct gcc gca gcc ctc tct agc ttc atg aac cca			1343
Pro Gly Leu Asn Ala Ser Ala Ala Ala Leu Ser Ser Phe Met Asn Pro			
355	360	365	
gac aag atc tcg gct ccc ttg ctc atg ccc cag aga ctc cct tct ccc			1391
Asp Lys Ile Ser Ala Pro Leu Leu Met Pro Gln Arg Leu Pro Ser Pro			
370	375	380	
ttg cca gct cat ccg tcc gtc gac tct tct gtc ttg ctc caa gct ctg			1439
Leu Pro Ala His Pro Ser Val Asp Ser Ser Val Leu Leu Gln Ala Leu			
385	390	395	400
aag cca atc ccc cct tta aac tta gaa acc aaa gac taaactctct			1485
Lys Pro Ile Pro Pro Leu Asn Leu Glu Thr Lys Asp			
405	410		
aggggatacct gctgcttngc tttcctncct cgctacttcc taaaaagcaa ccnaaaagnt			1545
ttngtgaatg ctgnnagant gttgcattgt gtatactgag ataacttgag gcatggagag			1605
caganncagg gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtatgtgcgt gtgcgtgcac			1665
atgtgtgcct gcgtgttggc ataggacttt anngctcctt nnggcatagg gaagtcacga			1725

aggattgctn gacatcagga gactnggggg ggattgtagc agacgtctgg gcttnncccc 1785
 acccagagaa tagcccccnn cnanacanat cagctggatt tacaaaagct tcaaagtctt 1845
 ggtctgtgag tcactcttca gtttgggagc tgggtctgtg gctttgatca gaaggtactt 1905
 tcaaaagagg gctttccagg gctcagctcc caaccagctg ttaggacccc acccttttgc 1965
 ctttattgtc gacgtgactc accagacgtc ggggagagag agcagtcaga ccgagctttt 2025
 ctgctaacat ggggagggta gcagacactg gcatagcacg gtagtggttt gggggagggt 2085
 ttccgcaggt ctgctcccca cccctgcctc ggaagaataa agagaatgta gttccctact 2145
 caggctttcg tagtgattag cttactaagg aactgaaaat gggccccttg tacaagctga 2205
 gctgccccgg agggagggag gaggttccctg ggcttctggc acctgtttct aggcctaacc 2265
 attagtactt actgtgcagg gaaccaaacc aaggtctgag aaatgcggac ancccgagcg 2325
 agcaccceaa agtgcacaaa gctgagtaaa aagctgcccc ctccaacag aactagactc 2385
 agttttcaat tccatcctaa aactcctttt aaccaagctt agcttctcaa agggctaacc 2445
 aagccttggg accgccagat cttttctgta ggctaattcc tcttggccaa cggcatatgg 2505
 agtgtcctta ttgctaaaaa ggattccgnc tccttcaaag aagttttatt tttgggtccag 2565
 agtacttggt ttcccgatgt gtccagccag ctccgcagca gcttttcaaa atgcactatg 2625
 cctgattgct gatcgtgttt taactttttc ttttctgtt tttattttgg tattaagtgc 2685
 ctggctttat ttgtaaagct gttataaata tatattatat naantatatt aaaaaggaaa 2745
 ntgttncaga tgtttatgtg tataattact tgattcacan agngagaaaa antgantgta 2805
 ttctgtntt ngaagagaag annaatTTTT ttttctcta gggagaggta cagngttntt 2865

【0 3 4 1】

<210> 16

<211> 412

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 16

Met Glu Arg Ile Pro Ser Ala Gln Pro Pro Pro Ala Cys Leu Pro Lys

1

5

10

15

Ala Pro Gly Leu Glu His Arg Asp Leu Pro Gly Met Tyr Pro Ala His

20

25

30

Met Tyr Gln Val Tyr Lys Ser Arg Arg Gly Ile Lys Arg Ser Glu Asp

35

40

45

Ser Lys Glu Thr Tyr Lys Leu Pro His Arg Leu Phe Glu Lys Lys Arg

50

55

60

Arg Asp Arg Ile Asn Glu Cys Ile Ala Gln Leu Lys Asp Leu Leu Pro

65

70

75

80

Glu His Leu Lys Leu Thr Thr Leu Gly His Leu Glu Lys Ala Val Val

85

90

95

Leu Glu Leu Thr Leu Lys His Val Lys Ala Leu Thr Asn Leu Ile Asp

100

105

110

Gln Gln Gln Gln Lys Ile Ile Ala Leu Gln Ser Gly Leu Gln Ala Gly

115

120

125

Glu Leu Ser Gly Arg Asn Val Glu Thr Gly Gln Glu Met Phe Cys Ser

130

135

140

Gly Phe Gln Thr Cys Ala Arg Glu Val Leu Gln Tyr Leu Ala Lys His

145

150

155

160

Glu Asn Thr Arg Asp Leu Lys Ser Ser Gln Leu Val Thr His Leu His

165

170

175

Arg Val Val Ser Glu Leu Leu Gln Gly Gly Thr Ser Arg Lys Pro Ser

180

185

190

Asp Pro Ala Pro Lys Val Met Asp Phe Lys Glu Lys Pro Ser Ser Pro

195

200

205

Ala Lys Gly Ser Glu Gly Pro Gly Lys Asn Cys Val Pro Val Ile Gln

210

215

220

Arg Thr Phe Ala His Ser Ser Gly Glu Gln Ser Gly Ser Asp Thr Asp

225

230

235

240

Thr Asp Ser Gly Tyr Gly Gly Asp Ser Glu Lys Gly Asp Leu Arg Ser

245

250

255

Glu Gln Pro Cys Phe Lys Ser Asp His Gly Arg Arg Phe Thr Met Gly

260	265	270
Glu Arg Ile Gly Ala Ile Lys Gln Glu Ser Glu Glu Pro Pro Thr Lys		
275	280	285
Lys Asn Arg Met Gln Leu Ser Asp Asp Glu Gly His Phe Thr Ser Ser		
290	295	300
Asp Leu Ile Ser Ser Pro Phe Leu Gly Pro His Pro His Gln Pro Pro		
305	310	315
Phe Cys Leu Pro Phe Tyr Leu Ile Pro Pro Ser Ala Thr Ala Tyr Leu		
325	330	335
Pro Met Leu Glu Lys Cys Trp Tyr Pro Thr Ser Val Pro Val Leu Tyr		
340	345	350
Pro Gly Leu Asn Ala Ser Ala Ala Ala Leu Ser Ser Phe Met Asn Pro		
355	360	365
Asp Lys Ile Ser Ala Pro Leu Leu Met Pro Gln Arg Leu Pro Ser Pro		
370	375	380
Leu Pro Ala His Pro Ser Val Asp Ser Ser Val Leu Leu Gln Ala Leu		
385	390	395
Lys Pro Ile Pro Pro Leu Asn Leu Glu Thr Lys Asp		

405

410

【 0 3 4 2 】

<210> 17

<211> 3817

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (164)..(2665)

<400> 17

tgaatttcgtg agagacttga gggaggcgct gcgactgaca agcggctctg cccgggacct 60

tctcgctttc atctagcgct gcactcaatg gaggggcggg caccgcagtg cttaatgctg 120
tcttaactag tgtaggaaaa cggctcaacc caccgctgcc gaa atg aag tat aag 175
Met Lys Tyr Lys
1
aat ctt atg gca agg gcc tta tat gac aat gtc cca gag tgt gcc gag 223
Asn Leu Met Ala Arg Ala Leu Tyr Asp Asn Val Pro Glu Cys Ala Glu
5 10 15 20
gaa ctg gcc ttt cgc aag gga gac atc ctg acc gtc ata gag cag aac 271
Glu Leu Ala Phe Arg Lys Gly Asp Ile Leu Thr Val Ile Glu Gln Asn
25 30 35
aca ggg gga ctg gaa gga tgg tgg ctg tgc tgc tta cac ggt cgg caa 319
Thr Gly Gly Leu Glu Gly Trp Trp Leu Cys Ser Leu His Gly Arg Gln
40 45 50
ggc att gtc cca ggc aac cgg gtg aag ctt ctg att ggt ccc atg cag 367
Gly Ile Val Pro Gly Asn Arg Val Lys Leu Leu Ile Gly Pro Met Gln
55 60 65
gag act gcc tcc agt cac gag cag cct gcc tct gga ctg atg cag cag 415
Glu Thr Ala Ser Ser His Glu Gln Pro Ala Ser Gly Leu Met Gln Gln
70 75 80
acc ttt ggc caa cag aag ctc tat caa gtg cca aac cca cag gct gct 463
Thr Phe Gly Gln Gln Lys Leu Tyr Gln Val Pro Asn Pro Gln Ala Ala
85 90 95 100
ccc cga gac acc atc tac caa gtg cca cct tcc tac caa aat cag gga 511
Pro Arg Asp Thr Ile Tyr Gln Val Pro Pro Ser Tyr Gln Asn Gln Gly
105 110 115
att tac caa gtc ccc act ggc cac ggc acc caa gaa caa gag gta tat 559
Ile Tyr Gln Val Pro Thr Gly His Gly Thr Gln Glu Gln Glu Val Tyr
120 125 130
cag gtg cca cca tca gtg cag aga agc att ggg gga acc agt ggg ccc 607

Gln Val Pro Pro Ser Val Gln Arg Ser Ile Gly Gly Thr Ser Gly Pro	
135	140
cac gtg ggt aaa aag gtg ata acc ccc gtg agg aca ggc cat ggc tac	655
His Val Gly Lys Lys Val Ile Thr Pro Val Arg Thr Gly His Gly Tyr	
150	155
gta tac gag tac cca tcc aga tac caa aag gat gtc tat gat atc cct	703
Val Tyr Glu Tyr Pro Ser Arg Tyr Gln Lys Asp Val Tyr Asp Ile Pro	
165	170
cct tct cat acc act caa ggg gta tac gac atc cct ccc tca tca gca	751
Pro Ser His Thr Thr Gln Gly Val Tyr Asp Ile Pro Pro Ser Ser Ala	
185	190
aaa ggc cct gtg ttt tca gtt cca gtg gga gag ata aaa cct caa ggg	799
Lys Gly Pro Val Phe Ser Val Pro Val Gly Glu Ile Lys Pro Gln Gly	
200	205
gtg tat gac atc ccg cct aca aaa ggg gta tat gcc att ccg ccc tct	847
Val Tyr Asp Ile Pro Pro Thr Lys Gly Val Tyr Ala Ile Pro Pro Ser	
215	220
gct tgc cgg gat gaa gca ggg ctt agg gaa aaa gac tat gac ttc ccc	895
Ala Cys Arg Asp Glu Ala Gly Leu Arg Glu Lys Asp Tyr Asp Phe Pro	
230	235
cct ccc atg aga caa gct gga agg ccg gac ctc aga ccg gag ggg gtt	943
Pro Pro Met Arg Gln Ala Gly Arg Pro Asp Leu Arg Pro Glu Gly Val	
245	250
tat gac att cct cca acc tgc acc aag cca gca ggg aag gac ctt cat	991
Tyr Asp Ile Pro Pro Thr Cys Thr Lys Pro Ala Gly Lys Asp Leu His	
265	270
gta aaa tac aac tgt gac att cca gga gct gca gaa ccg gtg gct cga	1039
Val Lys Tyr Asn Cys Asp Ile Pro Gly Ala Ala Glu Pro Val Ala Arg	
280	285
	290

agg cac cag agc ctg tcc ccg aat cac cca ccc ccg caa ctc gga cag	1087
Arg His Gln Ser Leu Ser Pro Asn His Pro Pro Pro Gln Leu Gly Gln	
295 300 305	
tca gtg ggc tct cag aac gac gca tat gat gtc ccc cga ggc gtt cag	1135
Ser Val Gly Ser Gln Asn Asp Ala Tyr Asp Val Pro Arg Gly Val Gln	
310 315 320	
ttt ctt gag cca cca gca gaa acc agt gag aaa gca aac ccc cag gaa	1183
Phe Leu Glu Pro Pro Ala Glu Thr Ser Glu Lys Ala Asn Pro Gln Glu	
325 330 335 340	
agg gat ggt gtt tat gat gtc cct ctg cat aac ccg cca gat gct aaa	1231
Arg Asp Gly Val Tyr Asp Val Pro Leu His Asn Pro Pro Asp Ala Lys	
345 350 355	
ggc tct cgg gac ttg gtg gat ggg atc aac cga ttg tct ttc tcc agt	1279
Gly Ser Arg Asp Leu Val Asp Gly Ile Asn Arg Leu Ser Phe Ser Ser	
360 365 370	
aca ggc agc acc cgg agt aac atg tcc acg tct tcc acc tcc tcc aag	1327
Thr Gly Ser Thr Arg Ser Asn Met Ser Thr Ser Ser Thr Ser Ser Lys	
375 380 385	
gag tcc tca ctg tca gcc tcc cca gct cag gac aaa agg ctc ttc ctg	1375
Glu Ser Ser Leu Ser Ala Ser Pro Ala Gln Asp Lys Arg Leu Phe Leu	
390 395 400	
gat cca gac aca gct att gag aga ctt cag cgg ctc cag cag gcc ctt	1423
Asp Pro Asp Thr Ala Ile Glu Arg Leu Gln Arg Leu Gln Gln Ala Leu	
405 410 415 420	
gag atg ggt gtc tcc agc cta atg gca ctg gtc act acc gac tgg cgg	1471
Glu Met Gly Val Ser Ser Leu Met Ala Leu Val Thr Thr Asp Trp Arg	
425 430 435	
tgt tac gga tat atg gaa aga cac atc aat gaa ata cgc aca gca gtg	1519
Cys Tyr Gly Tyr Met Glu Arg His Ile Asn Glu Ile Arg Thr Ala Val	

440	445	450	
gac aag gtg gag ctg ttc ctg aag gag tac ctc cac ttt gtc aag gga			1567
Asp Lys Val Glu Leu Phe Leu Lys Glu Tyr Leu His Phe Val Lys Gly			
455	460	465	
gct gtt gca aat gct gcc tgc ctc ccg gaa ctc atc ctc cac aac aag			1615
Ala Val Ala Asn Ala Ala Cys Leu Pro Glu Leu Ile Leu His Asn Lys			
470	475	480	
atg aag cgg gag ctg caa cga gtc gaa gac tcc cac cag atc ctg agt			1663
Met Lys Arg Glu Leu Gln Arg Val Glu Asp Ser His Gln Ile Leu Ser			
485	490	495	500
caa acc agc cat gac tta aat gag tgc agc tgg tcc ctg aat atc ttg			1711
Gln Thr Ser His Asp Leu Asn Glu Cys Ser Trp Ser Leu Asn Ile Leu			
505	510	515	
gcc atc aac aag ccc cag aac aag tgt gac gat ctg gac cgg ttt gtg			1759
Ala Ile Asn Lys Pro Gln Asn Lys Cys Asp Asp Leu Asp Arg Phe Val			
520	525	530	
atg gtg gca aag acg gtg ccc gat gac gcc aag cag ctc acc aca acc			1807
Met Val Ala Lys Thr Val Pro Asp Asp Ala Lys Gln Leu Thr Thr Thr			
535	540	545	
atc aac acc aac gca gag gcc ctc ttc aga ccc ggc cct ggc agc ttg			1855
Ile Asn Thr Asn Ala Glu Ala Leu Phe Arg Pro Gly Pro Gly Ser Leu			
550	555	560	
cat ctg aag aat ggg ccg gag agc atc atg aac tca acg gag tac cca			1903
His Leu Lys Asn Gly Pro Glu Ser Ile Met Asn Ser Thr Glu Tyr Pro			
565	570	575	580
cac ggt ggc tcc cag gga cag ctg ctg cat cct ggt gac cac aag gcc			1951
His Gly Gly Ser Gln Gly Gln Leu Leu His Pro Gly Asp His Lys Ala			
585	590	595	
cag gcc cac aac aag gca ctg ccc cca ggc ctg agc aag gag cag gcc			1999

Gln Ala His Asn Lys Ala Leu Pro Pro Gly Leu Ser Lys Glu Gln Ala	
600	605
610	
cct gac tgt agc agc agt gat ggt tct gag agg agc tgg atg gat gac	2047
Pro Asp Cys Ser Ser Ser Asp Gly Ser Glu Arg Ser Trp Met Asp Asp	
615	620
625	
tac gat tac gtc cac cta cag ggt aag gag gag ttt gag agg caa cag	2095
Tyr Asp Tyr Val His Leu Gln Gly Lys Glu Glu Phe Glu Arg Gln Gln	
630	635
640	
aaa gag cta ttg gaa aaa gag aat atc atg aaa cag aac aag atg cag	2143
Lys Glu Leu Leu Glu Lys Glu Asn Ile Met Lys Gln Asn Lys Met Gln	
645	650
655	660
ctg gaa cat cat cag ctg agc cag ttc cag ctg ttg gaa caa gag att	2191
Leu Glu His His Gln Leu Ser Gln Phe Gln Leu Leu Glu Gln Glu Ile	
665	670
675	
aca aag ccc gtg gag aat gac atc tcg aag tgg aag ccc tct cag agc	2239
Thr Lys Pro Val Glu Asn Asp Ile Ser Lys Trp Lys Pro Ser Gln Ser	
680	685
690	
cta ccc acc aca aac agt ggc gtg agt gct cag gat cgg cag ttg ctg	2287
Leu Pro Thr Thr Asn Ser Gly Val Ser Ala Gln Asp Arg Gln Leu Leu	
695	700
705	
tgc ttc tac tat gac caa tgt gag acc cat ttc att tcc ctt ctc aac	2335
Cys Phe Tyr Tyr Asp Gln Cys Glu Thr His Phe Ile Ser Leu Leu Asn	
710	715
720	
gcc att gac gca ctc ttc agt tgt gtc agc tca gcc cag ccc ccg cga	2383
Ala Ile Asp Ala Leu Phe Ser Cys Val Ser Ser Ala Gln Pro Pro Arg	
725	730
735	740
atc ttc gtg gca cac agc aag ttt gtc atc ctc agt gca cac aaa ctg	2431
Ile Phe Val Ala His Ser Lys Phe Val Ile Leu Ser Ala His Lys Leu	
745	750
755	

gtg ttc att gga gac acg ctg aca cgg cag gtg act gcc cag gac att 2479
Val Phe Ile Gly Asp Thr Leu Thr Arg Gln Val Thr Ala Gln Asp Ile
760 765 770

cgc aac aaa gtc atg aac tcc agc aac cag ctc tgc gag cag ctc aag 2527
Arg Asn Lys Val Met Asn Ser Ser Asn Gln Leu Cys Glu Gln Leu Lys
775 780 785

act ata gtc atg gca acc aag atg gcc gcc ctc cat tac ccc agc acc 2575
Thr Ile Val Met Ala Thr Lys Met Ala Ala Leu His Tyr Pro Ser Thr
790 795 800

acg gcc ctg cag gaa atg gtg cac caa gtg aca gac ctt tct aga aat 2623
Thr Ala Leu Gln Glu Met Val His Gln Val Thr Asp Leu Ser Arg Asn
805 810 815 820

gcc cag ctg ttc aag cgc tct ttg ctg gag atg gca acg ttc 2665
Ala Gln Leu Phe Lys Arg Ser Leu Leu Glu Met Ala Thr Phe
825 830

tgagaagaaa aaaaagagga aggggactgc gttacggtt actaaggaaa actggaaata 2725
ctgtctgggtt ttgttaaag ttatctatct ttgtagataa ttttatataa aaatgaaata 2785
ttttaacatt ttatgggtca gacaactttc agaaattcag ggagctggag agggaaatct 2845
ttttttcccc cctgagtgtt cttatgtata cacagaagta tctgagacat aaactgtaca 2905
gaaaacttgt ccacgtcctt ttgtatgccc atgtattcat gtttttgttt gtagatgttt 2965
gtctgatgca tttcattaaa aaaaaaacca tgaattacga agcaccttag taagcacctt 3025
ctaagtctgc attttttttg ttgttgtaa aaacatccag ctggttataa tattgttctc 3085
cacgtccttg tgatgattct gagcctggca ctgggaatct gggaagcata gtttatttgc 3145
aagtgttcac cttccaaatc atgaggcata gcatgactta ttcttgtttt gaaaactctt 3205
ttcaaaactg accatcttaa acacatgatg gccaaagtgc acaaagccct cttgcggaga 3265
catttacgaa tatatatgtg gatccaagtc tcgatagtta ggcgttggag ggaagagaga 3325
ccagagagtt tagaggccag gaccacagtt aggattgggt tgtttcaata ctgagagaca 3385
gctacaataa aaggagagca attgcctccc tggggctgtt caatcttctg catttgtgag 3445
tggttcagtc atgagggttt ccaaaagatg ttttagagt tgtaaaaacc atatttgcag 3505

caaagattta caaaggcgta tcagactatg attgttcacc aaaatagggg aatggtttga 3565
 tccgccagtt gcaagtagag gcctttctga ctcttaatat tcactttggt gctactaccc 3625
 ccattacctg aggaactggc caggtccttg atcatggaac tatagagcta ccagacatat 3685
 cctgctctct aagggaattt attgctatct tgcaccttct ttaaaactca aaaaacatat 3745
 gcagacctga cactcaagag tggctagcta cacagagtc atctaatttt tgcaacttcc 3805
 cccccgaat tc 3817

【 0 3 4 3 】

<210> 18

<211> 834

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 18

Met	Lys	Tyr	Lys	Asn	Leu	Met	Ala	Arg	Ala	Leu	Tyr	Asp	Asn	Val	Pro
1				5					10					15	
Glu	Cys	Ala	Glu	Glu	Leu	Ala	Phe	Arg	Lys	Gly	Asp	Ile	Leu	Thr	Val
			20					25					30		
Ile	Glu	Gln	Asn	Thr	Gly	Gly	Leu	Glu	Gly	Trp	Trp	Leu	Cys	Ser	Leu
		35				40					45				
His	Gly	Arg	Gln	Gly	Ile	Val	Pro	Gly	Asn	Arg	Val	Lys	Leu	Leu	Ile
		50				55				60					
Gly	Pro	Met	Gln	Glu	Thr	Ala	Ser	Ser	His	Glu	Gln	Pro	Ala	Ser	Gly
65				70					75					80	
Leu	Met	Gln	Gln	Thr	Phe	Gly	Gln	Gln	Lys	Leu	Tyr	Gln	Val	Pro	Asn
			85					90					95		
Pro	Gln	Ala	Ala	Pro	Arg	Asp	Thr	Ile	Tyr	Gln	Val	Pro	Pro	Ser	Tyr
		100					105					110			
Gln	Asn	Gln	Gly	Ile	Tyr	Gln	Val	Pro	Thr	Gly	His	Gly	Thr	Gln	Glu
		115					120					125			
Gln	Glu	Val	Tyr	Gln	Val	Pro	Pro	Ser	Val	Gln	Arg	Ser	Ile	Gly	Gly

130	135	140	
Thr Ser Gly Pro His Val Gly Lys Lys Val Ile Thr Pro Val Arg Thr			
145	150	155	160
Gly His Gly Tyr Val Tyr Glu Tyr Pro Ser Arg Tyr Gln Lys Asp Val			
165	170	175	
Tyr Asp Ile Pro Pro Ser His Thr Thr Gln Gly Val Tyr Asp Ile Pro			
180	185	190	
Pro Ser Ser Ala Lys Gly Pro Val Phe Ser Val Pro Val Gly Glu Ile			
195	200	205	
Lys Pro Gln Gly Val Tyr Asp Ile Pro Pro Thr Lys Gly Val Tyr Ala			
210	215	220	
Ile Pro Pro Ser Ala Cys Arg Asp Glu Ala Gly Leu Arg Glu Lys Asp			
225	230	235	240
Tyr Asp Phe Pro Pro Pro Met Arg Gln Ala Gly Arg Pro Asp Leu Arg			
245	250	255	
Pro Glu Gly Val Tyr Asp Ile Pro Pro Thr Cys Thr Lys Pro Ala Gly			
260	265	270	
Lys Asp Leu His Val Lys Tyr Asn Cys Asp Ile Pro Gly Ala Ala Glu			
275	280	285	
Pro Val Ala Arg Arg His Gln Ser Leu Ser Pro Asn His Pro Pro Pro			
290	295	300	
Gln Leu Gly Gln Ser Val Gly Ser Gln Asn Asp Ala Tyr Asp Val Pro			
305	310	315	320
Arg Gly Val Gln Phe Leu Glu Pro Pro Ala Glu Thr Ser Glu Lys Ala			
325	330	335	
Asn Pro Gln Glu Arg Asp Gly Val Tyr Asp Val Pro Leu His Asn Pro			
340	345	350	
Pro Asp Ala Lys Gly Ser Arg Asp Leu Val Asp Gly Ile Asn Arg Leu			
355	360	365	

Ser Phe Ser Ser Thr Gly Ser Thr Arg Ser Asn Met Ser Thr Ser Ser
 370 375 380

Thr Ser Ser Lys Glu Ser Ser Leu Ser Ala Ser Pro Ala Gln Asp Lys
 385 390 395 400

Arg Leu Phe Leu Asp Pro Asp Thr Ala Ile Glu Arg Leu Gln Arg Leu
 405 410 415

Gln Gln Ala Leu Glu Met Gly Val Ser Ser Leu Met Ala Leu Val Thr
 420 425 430

Thr Asp Trp Arg Cys Tyr Gly Tyr Met Glu Arg His Ile Asn Glu Ile
 435 440 445

Arg Thr Ala Val Asp Lys Val Glu Leu Phe Leu Lys Glu Tyr Leu His
 450 455 460

Phe Val Lys Gly Ala Val Ala Asn Ala Ala Cys Leu Pro Glu Leu Ile
 465 470 475 480

Leu His Asn Lys Met Lys Arg Glu Leu Gln Arg Val Glu Asp Ser His
 485 490 495

Gln Ile Leu Ser Gln Thr Ser His Asp Leu Asn Glu Cys Ser Trp Ser
 500 505 510

Leu Asn Ile Leu Ala Ile Asn Lys Pro Gln Asn Lys Cys Asp Asp Leu
 515 520 525

Asp Arg Phe Val Met Val Ala Lys Thr Val Pro Asp Asp Ala Lys Gln
 530 535 540

Leu Thr Thr Thr Ile Asn Thr Asn Ala Glu Ala Leu Phe Arg Pro Gly
 545 550 555 560

Pro Gly Ser Leu His Leu Lys Asn Gly Pro Glu Ser Ile Met Asn Ser
 565 570 575

Thr Glu Tyr Pro His Gly Gly Ser Gln Gly Gln Leu Leu His Pro Gly
 580 585 590

Asp His Lys Ala Gln Ala His Asn Lys Ala Leu Pro Pro Gly Leu Ser

595	600	605
Lys Glu Gln Ala Pro Asp Cys Ser Ser Ser Asp Gly Ser Glu Arg Ser		
610	615	620
Trp Met Asp Asp Tyr Asp Tyr Val His Leu Gln Gly Lys Glu Glu Phe		
625	630	635
Glu Arg Gln Gln Lys Glu Leu Leu Glu Lys Glu Asn Ile Met Lys Gln		
645	650	655
Asn Lys Met Gln Leu Glu His His Gln Leu Ser Gln Phe Gln Leu Leu		
660	665	670
Glu Gln Glu Ile Thr Lys Pro Val Glu Asn Asp Ile Ser Lys Trp Lys		
675	680	685
Pro Ser Gln Ser Leu Pro Thr Thr Asn Ser Gly Val Ser Ala Gln Asp		
690	695	700
Arg Gln Leu Leu Cys Phe Tyr Tyr Asp Gln Cys Glu Thr His Phe Ile		
705	710	715
Ser Leu Leu Asn Ala Ile Asp Ala Leu Phe Ser Cys Val Ser Ser Ala		
725	730	735
Gln Pro Pro Arg Ile Phe Val Ala His Ser Lys Phe Val Ile Leu Ser		
740	745	750
Ala His Lys Leu Val Phe Ile Gly Asp Thr Leu Thr Arg Gln Val Thr		
755	760	765
Ala Gln Asp Ile Arg Asn Lys Val Met Asn Ser Ser Asn Gln Leu Cys		
770	775	780
Glu Gln Leu Lys Thr Ile Val Met Ala Thr Lys Met Ala Ala Leu His		
785	790	795
Tyr Pro Ser Thr Thr Ala Leu Gln Glu Met Val His Gln Val Thr Asp		
805	810	815
Leu Ser Arg Asn Ala Gln Leu Phe Lys Arg Ser Leu Leu Glu Met Ala		
820	825	830

Thr Phe

【 0 3 4 4 】

<210> 19

<211> 567

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (36)..(506)

<400> 19

tgtgacgcct gcagggctgg gacctgacgg tgaag atg ctg gcg ggc aac gaa	53
Met Leu Ala Gly Asn Glu	
1 5	
ttc cag gtg tcc ctg agc agc tcc atg tcg gtg tca gag ctg aag gcg	101
Phe Gln Val Ser Leu Ser Ser Ser Met Ser Val Ser Glu Leu Lys Ala	
10 15 20	
cag atc acc cag aac att ggc gtg cac gcc ttc cag cag cgt ctg gct	149
Gln Ile Thr Gln Asn Ile Gly Val His Ala Phe Gln Gln Arg Leu Ala	
25 30 35	
gtc cac ccg agc ggt gtg gcg ctg cag gac agg gtc ccc ctt gcc agc	197
Val His Pro Ser Gly Val Ala Leu Gln Asp Arg Val Pro Leu Ala Ser	
40 45 50	
cag ggc ctg ggc cct ggc agc acg gtc ctg ctg gtg gtg gac aaa tgc	245
Gln Gly Leu Gly Pro Gly Ser Thr Val Leu Leu Val Val Asp Lys Cys	
55 60 65 70	
gac gaa cct ctg agc atc ctg gtg agg aat aac aag ggc cgc agc agc	293
Asp Glu Pro Leu Ser Ile Leu Val Arg Asn Asn Lys Gly Arg Ser Ser	
75 80 85	
acc tac gag gtg cgg ctg acg cag acc gtg gcc cac ctg aag cag caa	341

Thr Tyr Glu Val Arg Leu Thr Gln Thr Val Ala His Leu Lys Gln Gln
 90 95 100
 gtg agc ggg ctg gag ggt gtg cag gac gac ctg ttc tgg ctg acc ttc 389
 Val Ser Gly Leu Glu Gly Val Gln Asp Asp Leu Phe Trp Leu Thr Phe
 105 110 115
 gag ggg aag ccc ctg gag gac cag ctc ccg ctg ggg gag tac ggc ctc 437
 Glu Gly Lys Pro Leu Glu Asp Gln Leu Pro Leu Gly Glu Tyr Gly Leu
 120 125 130
 aag ccc ctg agc acc gtg ttc atg aat ctg cgc ctg cgg gga ggc ggc 485
 Lys Pro Leu Ser Thr Val Phe Met Asn Leu Arg Leu Arg Gly Gly Gly
 135 140 145 150
 aca gag cct ggc ggg cgg agc taagggcctc caccagcatc cgagcaggat 536
 Thr Glu Pro Gly Gly Arg Ser
 155
 caagggccgg aataaaggct gttgtaagag a 567

【 0 3 4 5 】

<210> 20

<211> 157

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 20

Met Leu Ala Gly Asn Glu Phe Gln Val Ser Leu Ser Ser Ser Met Ser
 1 5 10 15
 Val Ser Glu Leu Lys Ala Gln Ile Thr Gln Asn Ile Gly Val His Ala
 20 25 30
 Phe Gln Gln Arg Leu Ala Val His Pro Ser Gly Val Ala Leu Gln Asp
 35 40 45
 Arg Val Pro Leu Ala Ser Gln Gly Leu Gly Pro Gly Ser Thr Val Leu
 50 55 60

Leu Val Val Asp Lys Cys Asp Glu Pro Leu Ser Ile Leu Val Arg Asn
65 70 75 80
Asn Lys Gly Arg Ser Ser Thr Tyr Glu Val Arg Leu Thr Gln Thr Val
85 90 95
Ala His Leu Lys Gln Gln Val Ser Gly Leu Glu Gly Val Gln Asp Asp
100 105 110
Leu Phe Trp Leu Thr Phe Glu Gly Lys Pro Leu Glu Asp Gln Leu Pro
115 120 125
Leu Gly Glu Tyr Gly Leu Lys Pro Leu Ser Thr Val Phe Met Asn Leu
130 135 140
Arg Leu Arg Gly Gly Gly Thr Glu Pro Gly Gly Arg Ser
145 150 155

【 0 3 4 6 】

<210> 21

<211> 5095

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (14)..(2593)

<400> 21

agaggctgcg agc atg ggg ccc tgg ggc tgg aaa ttg cgc tgg acc gtc 49
Met Gly Pro Trp Gly Trp Lys Leu Arg Trp Thr Val
1 5 10
gcc ttg ctc ctc gcc gcg gcg ggg act gca gtg ggc gac aga tgt gaa 97
Ala Leu Leu Leu Ala Ala Ala Gly Thr Ala Val Gly Asp Arg Cys Glu
15 20 25
aga aac gag ttc cag tgc caa gac ggg aaa tgc atc tcc tac aag tgg 145
Arg Asn Glu Phe Gln Cys Gln Asp Gly Lys Cys Ile Ser Tyr Lys Trp

30	35	40	
gtc tgc gat ggc agc gct gag tgc cag gat ggc tct gat gag tcc cag	193		
Val Cys Asp Gly Ser Ala Glu Cys Gln Asp Gly Ser Asp Glu Ser Gln			
45	50	55	60
gag acg tgc ttg tct gtc acc tgc aaa tcc ggg gac ttc agc tgt ggg	241		
Glu Thr Cys Leu Ser Val Thr Cys Lys Ser Gly Asp Phe Ser Cys Gly			
65	70	75	
ggc cgt gtc aac cgc tgc att cct cag ttc tgg agg tgc gat ggc caa	289		
Gly Arg Val Asn Arg Cys Ile Pro Gln Phe Trp Arg Cys Asp Gly Gln			
80	85	90	
gtg gac tgc gac aac ggc tca gac gag caa ggc tgt ccc ccc aag acg	337		
Val Asp Cys Asp Asn Gly Ser Asp Glu Gln Gly Cys Pro Pro Lys Thr			
95	100	105	
tgc tcc cag gac gag ttt cgc tgc cac gat ggg aag tgc atc tct cgg	385		
Cys Ser Gln Asp Glu Phe Arg Cys His Asp Gly Lys Cys Ile Ser Arg			
110	115	120	
cag ttc gtc tgt gac tca gac cgg gac tgc ttg gac ggc tca gac gag	433		
Gln Phe Val Cys Asp Ser Asp Arg Asp Cys Leu Asp Gly Ser Asp Glu			
125	130	135	140
gcc tcc tgc ccg gtg ctc acc tgt ggt ccc gcc agc ttc cag tgc aac	481		
Ala Ser Cys Pro Val Leu Thr Cys Gly Pro Ala Ser Phe Gln Cys Asn			
145	150	155	
agc tcc acc tgc atc ccc cag ctg tgg gcc tgc gac aac gac ccc gac	529		
Ser Ser Thr Cys Ile Pro Gln Leu Trp Ala Cys Asp Asn Asp Pro Asp			
160	165	170	
tgc gaa gat ggc tcg gat gag tgg ccg cag cgc tgt agg ggt ctt tac	577		
Cys Glu Asp Gly Ser Asp Glu Trp Pro Gln Arg Cys Arg Gly Leu Tyr			
175	180	185	
gtg ttc caa ggg gac agt agc ccc tgc tcg gcc ttc gag ttc cac tgc	625		

Val Phe Gln Gly Asp Ser Ser Pro Cys Ser Ala Phe Glu Phe His Cys	
190	195
cta agt ggc gag tgc atc cac tcc agc tgg cgc tgt gat ggt ggc ccc	673
Leu Ser Gly Glu Cys Ile His Ser Ser Trp Arg Cys Asp Gly Gly Pro	
205	210
gac tgc aag gac aaa tct gac gag gaa aac tgc gct gtg gcc acc tgt	721
Asp Cys Lys Asp Lys Ser Asp Glu Glu Asn Cys Ala Val Ala Thr Cys	
225	230
cgc cct gac gaa ttc cag tgc tct gat gga aac tgc atc cat ggc agc	769
Arg Pro Asp Glu Phe Gln Cys Ser Asp Gly Asn Cys Ile His Gly Ser	
240	245
cgg cag tgt gac cgg gaa tat gac tgc aag gac atg agc gat gaa gtt	817
Arg Gln Cys Asp Arg Glu Tyr Asp Cys Lys Asp Met Ser Asp Glu Val	
255	260
ggc tgc gtt aat gtg aca ctc tgc gag gga ccc aac aag ttc aag tgt	865
Gly Cys Val Asn Val Thr Leu Cys Glu Gly Pro Asn Lys Phe Lys Cys	
270	275
cac agc ggc gaa tgc atc acc ctg gac aaa gtc tgc aac atg gct aga	913
His Ser Gly Glu Cys Ile Thr Leu Asp Lys Val Cys Asn Met Ala Arg	
285	290
gac tgc cgg gac tgg tca gat gaa ccc atc aaa gag tgc ggg acc aac	961
Asp Cys Arg Asp Trp Ser Asp Glu Pro Ile Lys Glu Cys Gly Thr Asn	
305	310
gaa tgc ttg gac aac aac ggc ggc tgt tcc cac gtc tgc aat gac ctt	1009
Glu Cys Leu Asp Asn Asn Gly Gly Cys Ser His Val Cys Asn Asp Leu	
320	325
aag atc ggc tac gag tgc ctg tgc ccc gac ggc ttc cag ctg gtg gcc	1057
Lys Ile Gly Tyr Glu Cys Leu Cys Pro Asp Gly Phe Gln Leu Val Ala	
335	340
	345

cag cga aga tgc gaa gat atc gat gag tgt cag gat ccc gac acc tgc	1105
Gln Arg Arg Cys Glu Asp Ile Asp Glu Cys Gln Asp Pro Asp Thr Cys	
350 355 360	
agc cag ctc tgc gtg aac ctg gag ggt ggc tac aag tgc cag tgt gag	1153
Ser Gln Leu Cys Val Asn Leu Glu Gly Gly Tyr Lys Cys Gln Cys Glu	
365 370 375 380	
gaa ggc ttc cag ctg gac ccc cac acg aag gcc tgc aag gct gtg ggc	1201
Glu Gly Phe Gln Leu Asp Pro His Thr Lys Ala Cys Lys Ala Val Gly	
385 390 395	
tcc atc gcc tac ctc ttc ttc acc aac cgg cac gag gtc agg aag atg	1249
Ser Ile Ala Tyr Leu Phe Phe Thr Asn Arg His Glu Val Arg Lys Met	
400 405 410	
acg ctg gac cgg agc gag tac acc agc ctc atc ccc aac ctg agg aac	1297
Thr Leu Asp Arg Ser Glu Tyr Thr Ser Leu Ile Pro Asn Leu Arg Asn	
415 420 425	
gtg gtc gct ctg gac acg gag gtg gcc agc aat aga atc tac tgg tct	1345
Val Val Ala Leu Asp Thr Glu Val Ala Ser Asn Arg Ile Tyr Trp Ser	
430 435 440	
gac ctg tcc cag aga atg atc tgc agc acc cag ctt gac aga gcc cac	1393
Asp Leu Ser Gln Arg Met Ile Cys Ser Thr Gln Leu Asp Arg Ala His	
445 450 455 460	
ggc gtc tct tcc tat gac acc gtc atc agc agg gac atc cag gcc ccc	1441
Gly Val Ser Ser Tyr Asp Thr Val Ile Ser Arg Asp Ile Gln Ala Pro	
465 470 475	
gac ggg ctg gct gtg gac tgg atc cac agc aac atc tac tgg acc gac	1489
Asp Gly Leu Ala Val Asp Trp Ile His Ser Asn Ile Tyr Trp Thr Asp	
480 485 490	
tct gtc ctg ggc act gtc tct gtt gcg gat acc aag ggc gtg aag agg	1537
Ser Val Leu Gly Thr Val Ser Val Ala Asp Thr Lys Gly Val Lys Arg	

495	500	505	
aaa acg tta ttc agg gag aac ggc tcc aag cca agg gcc atc gtg gtg			1585
Lys Thr Leu Phe Arg Glu Asn Gly Ser Lys Pro Arg Ala Ile Val Val			
510	515	520	
gat cct gtt cat ggc ttc atg tac tgg act gac tgg gga act ccc gcc			1633
Asp Pro Val His Gly Phe Met Tyr Trp Thr Asp Trp Gly Thr Pro Ala			
525	530	535	540
aag atc aag aaa ggg ggc ctg aat ggt gtg gac atc tac tcg ctg gtg			1681
Lys Ile Lys Lys Gly Gly Leu Asn Gly Val Asp Ile Tyr Ser Leu Val			
545	550	555	
act gaa aac att cag tgg ccc aat ggc atc acc cta gat ctc ctc agt			1729
Thr Glu Asn Ile Gln Trp Pro Asn Gly Ile Thr Leu Asp Leu Leu Ser			
560	565	570	
ggc cgc ctc tac tgg gtt gac tcc aaa ctt cac tcc atc tca agc atc			1777
Gly Arg Leu Tyr Trp Val Asp Ser Lys Leu His Ser Ile Ser Ser Ile			
575	580	585	
gat gtc aat ggg ggc aac cgg aag acc atc ttg gag gat gaa aag agg			1825
Asp Val Asn Gly Gly Asn Arg Lys Thr Ile Leu Glu Asp Glu Lys Arg			
590	595	600	
ctg gcc cac ccc ttc tcc ttg gcc gtc ttt gag gac aaa gta ttt tgg			1873
Leu Ala His Pro Phe Ser Leu Ala Val Phe Glu Asp Lys Val Phe Trp			
605	610	615	620
aca gat atc atc aac gaa gcc att ttc agt gcc aac cgc ctc aca ggt			1921
Thr Asp Ile Ile Asn Glu Ala Ile Phe Ser Ala Asn Arg Leu Thr Gly			
625	630	635	
tcc gat gtc aac ttg ttg gct gaa aac cta ctg tcc cca gag gat atg			1969
Ser Asp Val Asn Leu Leu Ala Glu Asn Leu Leu Ser Pro Glu Asp Met			
640	645	650	
gtc ctc ttc cac aac ctc acc cag cca aga gga gtg aac tgg tgt gag			2017

Val	Leu	Phe	His	Asn	Leu	Thr	Gln	Pro	Arg	Gly	Val	Asn	Trp	Cys	Glu	
	655						660					665				
agg	acc	acc	ctg	agc	aat	ggc	ggc	tgc	cag	tat	ctg	tgc	ctc	cct	gcc	2065
Arg	Thr	Thr	Leu	Ser	Asn	Gly	Gly	Cys	Gln	Tyr	Leu	Cys	Leu	Pro	Ala	
	670						675					680				
ccg	cag	atc	aac	ccc	cac	tgc	ccc	aag	ttt	acc	tgc	gcc	tgc	ccg	gac	2113
Pro	Gln	Ile	Asn	Pro	His	Ser	Pro	Lys	Phe	Thr	Cys	Ala	Cys	Pro	Asp	
685					690					695					700	
ggc	atg	ctg	ctg	gcc	agg	gac	atg	agg	agc	tgc	ctc	aca	gag	gct	gag	2161
Gly	Met	Leu	Leu	Ala	Arg	Asp	Met	Arg	Ser	Cys	Leu	Thr	Glu	Ala	Glu	
				705						710					715	
gct	gca	gtg	gcc	acc	cag	gag	aca	tcc	acc	gtc	agg	cta	aag	gtc	agc	2209
Ala	Ala	Val	Ala	Thr	Gln	Glu	Thr	Ser	Thr	Val	Arg	Leu	Lys	Val	Ser	
				720						725					730	
tcc	aca	gcc	gta	agg	aca	cag	cac	aca	acc	acc	cgg	cct	gtt	ccc	gac	2257
Ser	Thr	Ala	Val	Arg	Thr	Gln	His	Thr	Thr	Thr	Arg	Pro	Val	Pro	Asp	
				735						740					745	
acc	tcc	cgg	ctg	cct	ggg	gcc	acc	cct	ggg	ctc	acc	acg	gtg	gag	ata	2305
Thr	Ser	Arg	Leu	Pro	Gly	Ala	Thr	Pro	Gly	Leu	Thr	Thr	Val	Glu	Ile	
				750						755					760	
gtg	aca	atg	tct	cac	caa	gct	ctg	ggc	gac	gtt	gct	ggc	aga	gga	aat	2353
Val	Thr	Met	Ser	His	Gln	Ala	Leu	Gly	Asp	Val	Ala	Gly	Arg	Gly	Asn	
765					770					775					780	
gag	aag	aag	ccc	agt	agc	gtg	agg	gct	ctg	tcc	att	gtc	ctc	ccc	atc	2401
Glu	Lys	Lys	Pro	Ser	Ser	Val	Arg	Ala	Leu	Ser	Ile	Val	Leu	Pro	Ile	
					785					790					795	
gtg	ctc	ctc	gtc	ttc	ctt	tgc	ctg	ggg	gtc	ttc	ctt	cta	tgg	aag	aac	2449
Val	Leu	Leu	Val	Phe	Leu	Cys	Leu	Gly	Val	Phe	Leu	Leu	Trp	Lys	Asn	
				800						805					810	

tgg cgg ctt aag aac atc aac agc atc aac ttt gac aac ccc gtc tat 2497
 Trp Arg Leu Lys Asn Ile Asn Ser Ile Asn Phe Asp Asn Pro Val Tyr
 815 820 825
 cag aag acc aca gag gat gag gtc cac att tgc cac aac cag gac ggc 2545
 Gln Lys Thr Thr Glu Asp Glu Val His Ile Cys His Asn Gln Asp Gly
 830 835 840
 tac agc tac ccc tcg aga cag atg gtc agt ctg gag gat gac gtg gcg 2593
 Tyr Ser Tyr Pro Ser Arg Gln Met Val Ser Leu Glu Asp Asp Val Ala
 845 850 855 860
 tgaacatctg cctggagtcc cgcccctgcc cagaaccctt cctgagacct cgccggcctt 2653
 gttttattca aagacagaga agaccaaagc attgcctgcc agagctttgt tttatatatt 2713
 tattcatctg ggaggcagaa caggcttcgg acagtgccca tgcaatggct tgggttggga 2773
 ttttggtttc ttcctttcct gtgaaggata agagaaacag gcccggggcg accaggatga 2833
 cacctccatt tctctccagg aagttttgag tttctctcca ccgtgacaca atcctcaaac 2893
 atggaagatg aaagggcagg ggatgtcagg ccagagaag caagtggctt tcaacacaca 2953
 acagcagatg gcaccaacgg gaccccctgg ccctgcctca tccaccaatc tctaagccaa 3013
 acccctaaac tcaggagtca acgtgtttac ctcttctatg caagccttgc tagacagcca 3073
 ggtagcctt tgccctgtca cccccgaatc atgaccacc cagtgtcttt cgaggtgggt 3133
 ttgtaccttc ctttaagccag gaaagggatt catggcgtcg gaaatgatct ggctgaatcc 3193
 gtggtggcac cgagaccaa ctcattcacc aaatgatgcc acttcccaga ggcagagcct 3253
 gagtcaccgg tcacccttaa tatttattaa gtgcctgaga cacccggtta ccttggccgt 3313
 gaggacacgt ggctgcacc cagggtgtggc tgtcaggaca ccagccttgt gccatcctc 3373
 ccgacccta cccattcca ttcccgttgt ctcttgcac tttctcagtt cagagttgta 3433
 cactgtgtac atttggcatt tgtgttatta ttttgcactg tttctgtcg tgtgtgttg 3493
 gatgggatcc caggccaggg aaagcccgtg tcaatgaatg ccggggacag agagggggcag 3553
 gttgaccggg acttcaaagc cgtgatcgtg aatatcgaga actgccattg tcgtctttat 3613
 gtccgcccac ctagtgcttc cacttctatg caaatgcctc caagccattc acttcccca 3673
 tcttgtcgtt gatgggtatg tgtttaaaac atgcacgggtg aggcggggcg cagtggcctc 3733
 acgcctgtaa tcccagcact ttgggaggcc gaggcgggtg gatcatgagg tcaggagatc 3793

gagaccatcc tggctaacaa ggtgaaaccc cgtctctact aaaaatacaa aaaattagcc 3853
 gggcgcggtg gtgggcacct gtagtcccag ctactcgga ggctgaggca ggagaatggt 3913
 gtgaaccggg gaagcggagc ttgcagttag ccgagattgc gccactgcag tccgcagtct 3973
 ggccctgggcg acagagcggag actccgtctc aaaaaaaca aaacaaaaaa aaaccatgca 4033
 tggatcatca gcagcccatg gcctctggcc aggcattggc aggcctgagggt gggaggatgg 4093
 tttagctca ggcatctgag gcctctgga gctatgatta tgccactgct ttccagcctg 4153
 ggcaacatag taagacccca tctcttaaaa aatgaatttg gccagacaca ggtgcctcac 4213
 gcctgtaatc ccagcacttt gggaggctga gctggatcac ttgagttcag gagttggaga 4273
 ccaggcctga gcaacaaagc gagatcccat ctctacaaaa accaaaaagt taaaaatcag 4333
 ctgggtatgg tggcacgtgc ctgtgatccc agctacttgg gaggctgagg caggaggatc 4393
 gcctgagccc aggagggtga ggttgcagtg agccatgac gagccactgc actccagcct 4453
 gggcaacaca tgaagaccct atttcagaaa tacaactata aaaaaataa ataatcctc 4513
 cagtctggat cgtttgacgg gacttcaggt tctttctgaa atcgccgtgt tactgttgca 4573
 ctgatgtccg gagagacagt gacagcctcc gtcagactcc cgcgtgaaga tgcacaagg 4633
 gattggcaat tgtcccagg gacaaaacac tgtgtccccc ccagtgcagg gaaccgtgat 4693
 aagcctttct ggtttcggag cacgtaaatg cgtccctgta cagatagtgg ggattttttg 4753
 ttatgtttgc actttgtata ttggttgaac ctgttatcac ttatatatat atatacacac 4813
 atatatataa aatctattta tttttgcaaa ccctggttgc tgtatttgtt cagtactat 4873
 tctcggggcc ctgtgtaggg ggttattgcc tctgaaatgc ctcttcttta tgtacaaaga 4933
 ttatttgcac gaactggact gtgtgcaacg ctttttggga gaatgatgtc cccgttgtat 4993
 gtatgagtgg cttctgggag atgggtgtca ctttttaaac cactgtatag aaggtttttg 5053
 tagcctgaat gtcttactgt gatcaattaa atttcttaaa tg 5095

【 0 3 4 7 】

<210> 22

<211> 860

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 22

Met Gly Pro Trp Gly Trp Lys Leu Arg Trp Thr Val Ala Leu Leu Leu

1	5	10	15
Ala Ala Ala Gly Thr Ala Val Gly Asp Arg Cys Glu Arg Asn Glu Phe			
20	25	30	
Gln Cys Gln Asp Gly Lys Cys Ile Ser Tyr Lys Trp Val Cys Asp Gly			
35	40	45	
Ser Ala Glu Cys Gln Asp Gly Ser Asp Glu Ser Gln Glu Thr Cys Leu			
50	55	60	
Ser Val Thr Cys Lys Ser Gly Asp Phe Ser Cys Gly Gly Arg Val Asn			
65	70	75	80
Arg Cys Ile Pro Gln Phe Trp Arg Cys Asp Gly Gln Val Asp Cys Asp			
85	90	95	
Asn Gly Ser Asp Glu Gln Gly Cys Pro Pro Lys Thr Cys Ser Gln Asp			
100	105	110	
Glu Phe Arg Cys His Asp Gly Lys Cys Ile Ser Arg Gln Phe Val Cys			
115	120	125	
Asp Ser Asp Arg Asp Cys Leu Asp Gly Ser Asp Glu Ala Ser Cys Pro			
130	135	140	
Val Leu Thr Cys Gly Pro Ala Ser Phe Gln Cys Asn Ser Ser Thr Cys			
145	150	155	160
Ile Pro Gln Leu Trp Ala Cys Asp Asn Asp Pro Asp Cys Glu Asp Gly			
165	170	175	
Ser Asp Glu Trp Pro Gln Arg Cys Arg Gly Leu Tyr Val Phe Gln Gly			
180	185	190	
Asp Ser Ser Pro Cys Ser Ala Phe Glu Phe His Cys Leu Ser Gly Glu			
195	200	205	
Cys Ile His Ser Ser Trp Arg Cys Asp Gly Gly Pro Asp Cys Lys Asp			
210	215	220	
Lys Ser Asp Glu Glu Asn Cys Ala Val Ala Thr Cys Arg Pro Asp Glu			
225	230	235	240

Phe Gln Cys Ser Asp Gly Asn Cys Ile His Gly Ser Arg Gln Cys Asp			
245	250	255	
Arg Glu Tyr Asp Cys Lys Asp Met Ser Asp Glu Val Gly Cys Val Asn			
260	265	270	
Val Thr Leu Cys Glu Gly Pro Asn Lys Phe Lys Cys His Ser Gly Glu			
275	280	285	
Cys Ile Thr Leu Asp Lys Val Cys Asn Met Ala Arg Asp Cys Arg Asp			
290	295	300	
Trp Ser Asp Glu Pro Ile Lys Glu Cys Gly Thr Asn Glu Cys Leu Asp			
305	310	315	320
Asn Asn Gly Gly Cys Ser His Val Cys Asn Asp Leu Lys Ile Gly Tyr			
325	330	335	
Glu Cys Leu Cys Pro Asp Gly Phe Gln Leu Val Ala Gln Arg Arg Cys			
340	345	350	
Glu Asp Ile Asp Glu Cys Gln Asp Pro Asp Thr Cys Ser Gln Leu Cys			
355	360	365	
Val Asn Leu Glu Gly Gly Tyr Lys Cys Gln Cys Glu Glu Gly Phe Gln			
370	375	380	
Leu Asp Pro His Thr Lys Ala Cys Lys Ala Val Gly Ser Ile Ala Tyr			
385	390	395	400
Leu Phe Phe Thr Asn Arg His Glu Val Arg Lys Met Thr Leu Asp Arg			
405	410	415	
Ser Glu Tyr Thr Ser Leu Ile Pro Asn Leu Arg Asn Val Val Ala Leu			
420	425	430	
Asp Thr Glu Val Ala Ser Asn Arg Ile Tyr Trp Ser Asp Leu Ser Gln			
435	440	445	
Arg Met Ile Cys Ser Thr Gln Leu Asp Arg Ala His Gly Val Ser Ser			
450	455	460	
Tyr Asp Thr Val Ile Ser Arg Asp Ile Gln Ala Pro Asp Gly Leu Ala			

465	470	475	480
Val Asp Trp Ile His Ser Asn Ile Tyr Trp Thr Asp Ser Val Leu Gly			
485	490	495	
Thr Val Ser Val Ala Asp Thr Lys Gly Val Lys Arg Lys Thr Leu Phe			
500	505	510	
Arg Glu Asn Gly Ser Lys Pro Arg Ala Ile Val Val Asp Pro Val His			
515	520	525	
Gly Phe Met Tyr Trp Thr Asp Trp Gly Thr Pro Ala Lys Ile Lys Lys			
530	535	540	
Gly Gly Leu Asn Gly Val Asp Ile Tyr Ser Leu Val Thr Glu Asn Ile			
545	550	555	560
Gln Trp Pro Asn Gly Ile Thr Leu Asp Leu Leu Ser Gly Arg Leu Tyr			
565	570	575	
Trp Val Asp Ser Lys Leu His Ser Ile Ser Ser Ile Asp Val Asn Gly			
580	585	590	
Gly Asn Arg Lys Thr Ile Leu Glu Asp Glu Lys Arg Leu Ala His Pro			
595	600	605	
Phe Ser Leu Ala Val Phe Glu Asp Lys Val Phe Trp Thr Asp Ile Ile			
610	615	620	
Asn Glu Ala Ile Phe Ser Ala Asn Arg Leu Thr Gly Ser Asp Val Asn			
625	630	635	640
Leu Leu Ala Glu Asn Leu Leu Ser Pro Glu Asp Met Val Leu Phe His			
645	650	655	
Asn Leu Thr Gln Pro Arg Gly Val Asn Trp Cys Glu Arg Thr Thr Leu			
660	665	670	
Ser Asn Gly Gly Cys Gln Tyr Leu Cys Leu Pro Ala Pro Gln Ile Asn			
675	680	685	
Pro His Ser Pro Lys Phe Thr Cys Ala Cys Pro Asp Gly Met Leu Leu			
690	695	700	

Ala Arg Asp Met Arg Ser Cys Leu Thr Glu Ala Glu Ala Ala Val Ala			
705	710	715	720
Thr Gln Glu Thr Ser Thr Val Arg Leu Lys Val Ser Ser Thr Ala Val			
	725	730	735
Arg Thr Gln His Thr Thr Thr Arg Pro Val Pro Asp Thr Ser Arg Leu			
	740	745	750
Pro Gly Ala Thr Pro Gly Leu Thr Thr Val Glu Ile Val Thr Met Ser			
	755	760	765
His Gln Ala Leu Gly Asp Val Ala Gly Arg Gly Asn Glu Lys Lys Pro			
	770	775	780
Ser Ser Val Arg Ala Leu Ser Ile Val Leu Pro Ile Val Leu Leu Val			
785	790	795	800
Phe Leu Cys Leu Gly Val Phe Leu Leu Trp Lys Asn Trp Arg Leu Lys			
	805	810	815
Asn Ile Asn Ser Ile Asn Phe Asp Asn Pro Val Tyr Gln Lys Thr Thr			
	820	825	830
Glu Asp Glu Val His Ile Cys His Asn Gln Asp Gly Tyr Ser Tyr Pro			
	835	840	845
Ser Arg Gln Met Val Ser Leu Glu Asp Asp Val Ala			
	850	855	860

【 0 3 4 8 】

<210> 23
 <211> 1660
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens
 <220>
 <221> CDS
 <222> (50)..(529)
 <400> 23

gcgcctcct cgcaggcaga aactccgctg agcagaactt gccgccaga atg ctc ctc 58
Met Leu Leu
1
ctg ttg ctg agt atc atc gtc ctc cac gtc gcg gtg ctg gtg ctg ctg 106
Leu Leu Leu Ser Ile Ile Val Leu His Val Ala Val Leu Val Leu Leu
5 10 15
ttc gtc tcc acg atc gtc agc caa tgg atc gtg ggc aat gga cac gca 154
Phe Val Ser Thr Ile Val Ser Gln Trp Ile Val Gly Asn Gly His Ala
20 25 30 35
act gat ctc tgg cag aac tgt agc acc tct tcc tca gga aat gtc cac 202
Thr Asp Leu Trp Gln Asn Cys Ser Thr Ser Ser Ser Gly Asn Val His
40 45 50
cac tgt ttc tca tca tca cca aac gaa tgg ctg cag tct gtc cag gcc 250
His Cys Phe Ser Ser Ser Pro Asn Glu Trp Leu Gln Ser Val Gln Ala
55 60 65
acc atg atc ctg tgc atc atc ttc agc att ctg tct ctg ttc ctg ttc 298
Thr Met Ile Leu Ser Ile Ile Phe Ser Ile Leu Ser Leu Phe Leu Phe
70 75 80
ttc tgc caa ctc ttc acc ctc acc aag ggg ggc agg ttt tac atc act 346
Phe Cys Gln Leu Phe Thr Leu Thr Lys Gly Gly Arg Phe Tyr Ile Thr
85 90 95
gga atc ttc caa att ctt gct ggt ctg tgc gtg atg agt gct gcg gcc 394
Gly Ile Phe Gln Ile Leu Ala Gly Leu Cys Val Met Ser Ala Ala Ala
100 105 110 115
atc tac acg gtg agg cac ccg gag tgg cat ctc acc tgc gat tac tcc 442
Ile Tyr Thr Val Arg His Pro Glu Trp His Leu Thr Ser Asp Tyr Ser
120 125 130
tac ggt ttc gcc tac atc ctg gcc tgg gtg gcc ttc ccc ctg gcc ctt 490
Tyr Gly Phe Ala Tyr Ile Leu Ala Trp Val Ala Phe Pro Leu Ala Leu

135	140	145	
ctc agc ggt gtc atc tat gtg atc ttg cgg aaa cgc gaa tgaggcgccc			539
Leu Ser Gly Val Ile Tyr Val Ile Leu Arg Lys Arg Glu			
150	155	160	
agacggtctg tctgaggctc tgagcgtaca tagggaaggg aggaagggaa aacagaaagc			599
agacaaagaa aaaagagcta gcccataatc ccaaactcaa accaaaccaa acagaaagca			659
gtggagggtgg gggttgctgt tgattgaaga tgtatataat atctccggtt tataaaacct			719
atttataaca cttttttacat atatgtacat agtattgttt gctttttatg ttgaccatca			779
gcctcgtgtt gagccttaaa gaagtagcta aggaacttta catcctaaca gtataatcca			839
gctcagtatt tttgttttgt tttttgtttg tttgttttgt tttaccaga aataagataa			899
ctccatctcg ccccttccct ttcattctgaa agaagatacc tccctcccag tccacctcat			959
ttagaaaacc aaagtgtggg tagaaacccc aaatgtccaa aagccctttt ctggtgggtg			1019
accagtgc tccaacagaa acagccgctg cccgaacctc tgtgtgaagc tttacgcgca			1079
cacggacaaa atgcccaaac cggagccctc gaaaaacgcg gcttgtggca ttggcatact			1139
tgcttacag gtggagtatc ttcgtcacac atctaaatga gaaatcagtg acaacaagtc			1199
tttgaaatgg tgctatggat ttaccattcc ttattatcac taatcatcta aacaactcac			1259
tggaatcca attaacaatt ttataacata agatagaatg gagacctgaa taattctgtg			1319
taatataaat ggtttataac tgcttttgta cctagctagg ctgctattat tactataatg			1379
agtaaactcat aaagccttcg tcactccac agttttctta cggtcggagc atcacaacaa			1439
gcgtctagac tccttgggac cgtgagttcc tagagcttgg ctgggtctag gctgttctgt			1499
gcctccaagg actgtctggc aatgacttgt attggccacc aactgtagat gtatatatgg			1559
tgcccttctg atgctaagac tccagacctt ttgtttttgc tttgcatttt ctgatttata			1619
ccaactgtgt ggactaagat gcattaaaat aaacatcaga g			1660

【 0 3 4 9 】

<210> 24

<211> 160

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 24

Met Leu Leu Leu Leu Leu Ser Ile Ile Val Leu His Val Ala Val Leu
 1 5 10 15
 Val Leu Leu Phe Val Ser Thr Ile Val Ser Gln Trp Ile Val Gly Asn
 20 25 30
 Gly His Ala Thr Asp Leu Trp Gln Asn Cys Ser Thr Ser Ser Ser Gly
 35 40 45
 Asn Val His His Cys Phe Ser Ser Ser Pro Asn Glu Trp Leu Gln Ser
 50 55 60
 Val Gln Ala Thr Met Ile Leu Ser Ile Ile Phe Ser Ile Leu Ser Leu
 65 70 75 80
 Phe Leu Phe Phe Cys Gln Leu Phe Thr Leu Thr Lys Gly Gly Arg Phe
 85 90 95
 Tyr Ile Thr Gly Ile Phe Gln Ile Leu Ala Gly Leu Cys Val Met Ser
 100 105 110
 Ala Ala Ala Ile Tyr Thr Val Arg His Pro Glu Trp His Leu Thr Ser
 115 120 125
 Asp Tyr Ser Tyr Gly Phe Ala Tyr Ile Leu Ala Trp Val Ala Phe Pro
 130 135 140
 Leu Ala Leu Leu Ser Gly Val Ile Tyr Val Ile Leu Arg Lys Arg Glu
 145 150 155 160

[0 3 5 0]

<210> 25

<211> 3116

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (36)..(2717)

<400> 25

ggagcccagc aacttctgag gaaagtttgg caccc atg gcg tgg cgg tgc ccc	53
Met Ala Trp Arg Cys Pro	
1 5	
agg atg ggc agg gtc ccg ctg gcc tgg tgc ttg gcg ctg tgc ggc tgg	101
Arg Met Gly Arg Val Pro Leu Ala Trp Cys Leu Ala Leu Cys Gly Trp	
10 15 20	
gcg tgc atg gcc ccc agg ggc acg cag gct gaa gaa agt ccc ttc gtg	149
Ala Cys Met Ala Pro Arg Gly Thr Gln Ala Glu Glu Ser Pro Phe Val	
25 30 35	
ggc aac cca ggg aat atc aca ggt gcc cgg gga ctc acg ggc acc ctt	197
Gly Asn Pro Gly Asn Ile Thr Gly Ala Arg Gly Leu Thr Gly Thr Leu	
40 45 50	
cgg tgt cag ctc cag gtt cag gga gag ccc ccc gag gta cat tgg ctt	245
Arg Cys Gln Leu Gln Val Gln Gly Glu Pro Pro Glu Val His Trp Leu	
55 60 65 70	
cgg gat gga cag atc ctg gag ctc gcg gac agc acc cag acc cag gtg	293
Arg Asp Gly Gln Ile Leu Glu Leu Ala Asp Ser Thr Gln Thr Gln Val	
75 80 85	
ccc ctg ggt gag gat gaa cag gat gac tgg ata gtg gtc agc cag ctc	341
Pro Leu Gly Glu Asp Glu Gln Asp Asp Trp Ile Val Val Ser Gln Leu	
90 95 100	
aga atc acc tcc ctg cag ctt tcc gac acg gga cag tac cag tgt ttg	389
Arg Ile Thr Ser Leu Gln Leu Ser Asp Thr Gly Gln Tyr Gln Cys Leu	
105 110 115	
gtg ttt ctg gga cat cag acc ttc gtg tcc cag cct ggc tat gtt ggg	437
Val Phe Leu Gly His Gln Thr Phe Val Ser Gln Pro Gly Tyr Val Gly	
120 125 130	
ctg gag ggc ttg cct tac ttc ctg gag gag ccc gaa gac agg act gtg	485
Leu Glu Gly Leu Pro Tyr Phe Leu Glu Glu Pro Glu Asp Arg Thr Val	

135	140	145	150	
gcc gcc aac acc ccc ttc aac ctg agc tgc caa gct cag gga ccc cca				533
Ala Ala Asn Thr Pro Phe Asn Leu Ser Cys Gln Ala Gln Gly Pro Pro				
	155	160	165	
gag ccc gtg gac cta ctc tgg ctc cag gat gct gtc ccc ctg gcc acg				581
Glu Pro Val Asp Leu Leu Trp Leu Gln Asp Ala Val Pro Leu Ala Thr				
	170	175	180	
gct cca ggt cac ggc ccc cag cgc agc ctg cat gtt cca ggg ctg aac				629
Ala Pro Gly His Gly Pro Gln Arg Ser Leu His Val Pro Gly Leu Asn				
	185	190	195	
aag aca tcc tct ttc tcc tgc gaa gcc cat aac gcc aag ggg gtc acc				677
Lys Thr Ser Ser Phe Ser Cys Glu Ala His Asn Ala Lys Gly Val Thr				
	200	205	210	
aca tcc cgc aca gcc acc atc aca gtg ctc ccc cag cag ccc cgt aac				725
Thr Ser Arg Thr Ala Thr Ile Thr Val Leu Pro Gln Gln Pro Arg Asn				
	215	220	225	230
ctc cac ctg gtc tcc cgc caa ccc acg gag ctg gag gtg gct tgg act				773
Leu His Leu Val Ser Arg Gln Pro Thr Glu Leu Glu Val Ala Trp Thr				
	235	240	245	
cca ggc ctg agc ggc atc tac ccc ctg acc cac tgc acc ctg cag gct				821
Pro Gly Leu Ser Gly Ile Tyr Pro Leu Thr His Cys Thr Leu Gln Ala				
	250	255	260	
gtg ctg tca gac gat ggg atg ggc atc cag gcg gga gaa cca gac ccc				869
Val Leu Ser Asp Asp Gly Met Gly Ile Gln Ala Gly Glu Pro Asp Pro				
	265	270	275	
cca gag gag ccc ctc acc tcg caa gca tcc gtg ccc ccc cat cag ctt				917
Pro Glu Glu Pro Leu Thr Ser Gln Ala Ser Val Pro Pro His Gln Leu				
	280	285	290	
cgg cta ggc agc ctc cat cct cac ccc cct tat cac atc cgc gtg gca				965

Arg	Leu	Gly	Ser	Leu	His	Pro	His	Pro	Pro	Tyr	His	Ile	Arg	Val	Ala	
295					300					305					310	
tgc	acc	agc	agc	cag	ggc	ccc	tca	tcc	tgg	acc	cac	tgg	ctt	cct	gtg	1013
Cys	Thr	Ser	Ser	Gln	Gly	Pro	Ser	Ser	Trp	Thr	His	Trp	Leu	Pro	Val	
				315					320					325		
gag	acg	ccg	gag	gga	gtg	ccc	ctg	ggc	ccc	cct	gag	aac	att	agt	gct	1061
Glu	Thr	Pro	Glu	Gly	Val	Pro	Leu	Gly	Pro	Pro	Glu	Asn	Ile	Ser	Ala	
				330				335					340			
acg	cgg	aat	ggg	agc	cag	gcc	ttc	gtg	cat	tgg	caa	gag	ccc	cgg	gcg	1109
Thr	Arg	Asn	Gly	Ser	Gln	Ala	Phe	Val	His	Trp	Gln	Glu	Pro	Arg	Ala	
		345					350					355				
ccc	ctg	cag	ggg	acc	ctg	tta	ggg	tac	cgg	ctg	gcg	tat	caa	ggc	cag	1157
Pro	Leu	Gln	Gly	Thr	Leu	Leu	Gly	Tyr	Arg	Leu	Ala	Tyr	Gln	Gly	Gln	
	360					365				370						
gac	acc	cca	gag	gtg	cta	atg	gac	ata	ggg	cta	agg	caa	gag	gtg	acc	1205
Asp	Thr	Pro	Glu	Val	Leu	Met	Asp	Ile	Gly	Leu	Arg	Gln	Glu	Val	Thr	
375				380					385					390		
ctg	gag	ctg	cag	ggg	gac	ggg	tct	gtg	tcc	aat	ctg	aca	gtg	tgt	gtg	1253
Leu	Glu	Leu	Gln	Gly	Asp	Gly	Ser	Val	Ser	Asn	Leu	Thr	Val	Cys	Val	
				395					400				405			
gca	gcc	tac	act	gct	gct	ggg	gat	gga	ccc	tgg	agc	ctc	cca	gta	ccc	1301
Ala	Ala	Tyr	Thr	Ala	Ala	Gly	Asp	Gly	Pro	Trp	Ser	Leu	Pro	Val	Pro	
				410				415					420			
ctg	gag	gcc	tgg	cgc	cca	ggg	gaa	gca	cag	cca	gtc	cac	cag	ctg	gtg	1349
Leu	Glu	Ala	Trp	Arg	Pro	Gly	Glu	Ala	Gln	Pro	Val	His	Gln	Leu	Val	
				425				430					435			
aag	gaa	cct	tca	act	cct	gcc	ttc	tcg	tgg	ccc	tgg	tgg	tat	gta	ctg	1397
Lys	Glu	Pro	Ser	Thr	Pro	Ala	Phe	Ser	Trp	Pro	Trp	Trp	Tyr	Val	Leu	
	440					445					450					

cta gga gca gtc gtg gcc gct gcc tgt gtc ctc atc ttg gct ctc ttc	1445
Leu Gly Ala Val Val Ala Ala Ala Cys Val Leu Ile Leu Ala Leu Phe	
455 460 465 470	
ctt gtc cac cgg cga aag aag gag acc cgt tat gga gaa gtg ttt gaa	1493
Leu Val His Arg Arg Lys Lys Glu Thr Arg Tyr Gly Glu Val Phe Glu	
475 480 485	
cca aca gtg gaa aga ggt gaa ctg gta gtc agg tac cgc gtg cgc aag	1541
Pro Thr Val Glu Arg Gly Glu Leu Val Val Arg Tyr Arg Val Arg Lys	
490 495 500	
tcc tac agt cgt cgg acc act gaa gct acc ttg aac agc ctg ggc atc	1589
Ser Tyr Ser Arg Arg Thr Thr Glu Ala Thr Leu Asn Ser Leu Gly Ile	
505 510 515	
agt gaa gag ctg aag gag aag ctg cgg gat gtg atg gtg gac cgg cac	1637
Ser Glu Glu Leu Lys Glu Lys Leu Arg Asp Val Met Val Asp Arg His	
520 525 530	
aag gtg gcc ctg ggg aag act ctg gga gag gga gag ttt gga gct gtg	1685
Lys Val Ala Leu Gly Lys Thr Leu Gly Glu Gly Glu Phe Gly Ala Val	
535 540 545 550	
atg gaa ggc cag ctc aac cag gac gac tcc atc ctc aag gtg gct gtg	1733
Met Glu Gly Gln Leu Asn Gln Asp Asp Ser Ile Leu Lys Val Ala Val	
555 560 565	
aag acg atg aag att gcc atc tgc acg agg tca gag ctg gag gat ttc	1781
Lys Thr Met Lys Ile Ala Ile Cys Thr Arg Ser Glu Leu Glu Asp Phe	
570 575 580	
ctg agt gaa gcg gtc tgc atg aag gaa ttt gac cat ccc aac gtc atg	1829
Leu Ser Glu Ala Val Cys Met Lys Glu Phe Asp His Pro Asn Val Met	
585 590 595	
agg ctc atc ggt gtc tgt ttc cag ggt tct gaa cga gag agc ttc cca	1877
Arg Leu Ile Gly Val Cys Phe Gln Gly Ser Glu Arg Glu Ser Phe Pro	

600	605	610	
gca cct gtg gtc atc tta cct ttc atg aaa cat gga gac cta cac agc			1925
Ala Pro Val Val Ile Leu Pro Phe Met Lys His Gly Asp Leu His Ser			
615	620	625	630
ttc ctc ctc tat tcc cgg ctc ggg ggc cag cca gtg tac ctg ccc act			1973
Phe Leu Leu Tyr Ser Arg Leu Gly Gly Gln Pro Val Tyr Leu Pro Thr			
635	640	645	
cag atg cta gtg aag ttc atg gca gac atc gcc agt ggc atg gag tat			2021
Gln Met Leu Val Lys Phe Met Ala Asp Ile Ala Ser Gly Met Glu Tyr			
650	655	660	
ctg agt acc aag aga ttc ata cac cgg gac ctg gcg gcc agg aac tgc			2069
Leu Ser Thr Lys Arg Phe Ile His Arg Asp Leu Ala Ala Arg Asn Cys			
665	670	675	
atg ctg aat gag aac atg tcc gtg tgt gtg gcg gac ttc ggg ctc tcc			2117
Met Leu Asn Glu Asn Met Ser Val Cys Val Ala Asp Phe Gly Leu Ser			
680	685	690	
aag aag atc tac aat ggg gac tac tac cgc cag gga cgt atc gcc aag			2165
Lys Lys Ile Tyr Asn Gly Asp Tyr Tyr Arg Gln Gly Arg Ile Ala Lys			
695	700	705	710
atg cca gtc aag tgg att gcc att gag agt cta gct gac cgt gtc tac			2213
Met Pro Val Lys Trp Ile Ala Ile Glu Ser Leu Ala Asp Arg Val Tyr			
715	720	725	
acc agc aag agc gat gtg tgg tcc ttc ggg gtg aca atg tgg gag att			2261
Thr Ser Lys Ser Asp Val Trp Ser Phe Gly Val Thr Met Trp Glu Ile			
730	735	740	
gcc aca aga ggc caa acc cca tat ccg ggc gtg gag aac agc gag att			2309
Ala Thr Arg Gly Gln Thr Pro Tyr Pro Gly Val Glu Asn Ser Glu Ile			
745	750	755	
tat gac tat ctg cgc cag gga aat cgc ctg aag cag cct gcg gac tgt			2357

Tyr Asp Tyr Leu Arg Gln Gly Asn Arg Leu Lys Gln Pro Ala Asp Cys
 760 765 770
 ctg gat gga ctg tat gcc ttg atg tcg cgg tgc tgg gag cta aat ccc 2405
 Leu Asp Gly Leu Tyr Ala Leu Met Ser Arg Cys Trp Glu Leu Asn Pro
 775 780 785 790
 cag gac cgg cca agt ttt aca gag ctg cgg gaa gat ttg gag aac aca 2453
 Gln Asp Arg Pro Ser Phe Thr Glu Leu Arg Glu Asp Leu Glu Asn Thr
 795 800 805
 ctg aag gcc ttg cct cct gcc cag gag cct gac gaa atc ctc tat gtc 2501
 Leu Lys Ala Leu Pro Pro Ala Gln Glu Pro Asp Glu Ile Leu Tyr Val
 810 815 820
 aac atg gat gag ggt gga ggt tat cct gaa ccc cct gga gct gca gga 2549
 Asn Met Asp Glu Gly Gly Gly Tyr Pro Glu Pro Pro Gly Ala Ala Gly
 825 830 835
 gga gct gac ccc cca acc cag cca gac cct aag gat tcc tgt agc tgc 2597
 Gly Ala Asp Pro Pro Thr Gln Pro Asp Pro Lys Asp Ser Cys Ser Cys
 840 845 850
 ctc act gcg gct gag gtc cat cct gct gga cgc tat gtc ctc tgc cct 2645
 Leu Thr Ala Ala Glu Val His Pro Ala Gly Arg Tyr Val Leu Cys Pro
 855 860 865 870
 tcc aca acc cct agc ccc gct cag cct gct gat agg ggc tcc cca gca 2693
 Ser Thr Thr Pro Ser Pro Ala Gln Pro Ala Asp Arg Gly Ser Pro Ala
 875 880 885
 gcc cca ggg cag gag gat ggt gcc tgagacaacc ctccacctgg tactccctct 2747
 Ala Pro Gly Gln Glu Asp Gly Ala
 890
 caggatccaa gctaagcact gccactgggg gaaactccac ctccacctt tcccacccca 2807
 cgccttatcc ccacttgcag ccctgtcttc ctacctatcc cacctccatc ccagacaggt 2867
 ccctggcctt ctctgtgcag tagcatcacc ttgaaagcag tagcatcacc atctgtaaaa 2927

ggaaggggtt ggattgcaat atctgaagcc ctcccaggtg ttaacattcc aagactctag 2987
 agtccaaggt ttaaagagtc tagattcaaa ggttctaggt ttcaaagatg ctgtgagtct 3047
 ttggttctaa ggacctgaaa ttccaaagtc tctaattcta ttaaagtgc aaggttctaa 3107
 ggcctaaaa 3116

【 0 3 5 1 】

<210> 26

<211> 894

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 26

Met Ala Trp Arg Cys Pro Arg Met Gly Arg Val Pro Leu Ala Trp Cys
 1 5 10 15
 Leu Ala Leu Cys Gly Trp Ala Cys Met Ala Pro Arg Gly Thr Gln Ala
 20 25 30
 Glu Glu Ser Pro Phe Val Gly Asn Pro Gly Asn Ile Thr Gly Ala Arg
 35 40 45
 Gly Leu Thr Gly Thr Leu Arg Cys Gln Leu Gln Val Gln Gly Glu Pro
 50 55 60
 Pro Glu Val His Trp Leu Arg Asp Gly Gln Ile Leu Glu Leu Ala Asp
 65 70 75 80
 Ser Thr Gln Thr Gln Val Pro Leu Gly Glu Asp Glu Gln Asp Asp Trp
 85 90 95
 Ile Val Val Ser Gln Leu Arg Ile Thr Ser Leu Gln Leu Ser Asp Thr
 100 105 110
 Gly Gln Tyr Gln Cys Leu Val Phe Leu Gly His Gln Thr Phe Val Ser
 115 120 125
 Gln Pr Gly Tyr Val Gly Leu Glu Gly Leu Pro Tyr Phe Leu Glu Glu
 130 135 140
 Pro Glu Asp Arg Thr Val Ala Ala Asn Thr Pro Phe Asn Leu Ser Cys

145	150	155	160
Gln Ala Gln Gly Pro Pro Glu Pro Val Asp Leu Leu Trp Leu Gln Asp			
165	170	175	
Ala Val Pro Leu Ala Thr Ala Pro Gly His Gly Pro Gln Arg Ser Leu			
180	185	190	
His Val Pro Gly Leu Asn Lys Thr Ser Ser Phe Ser Cys Glu Ala His			
195	200	205	
Asn Ala Lys Gly Val Thr Thr Ser Arg Thr Ala Thr Ile Thr Val Leu			
210	215	220	
Pro Gln Gln Pro Arg Asn Leu His Leu Val Ser Arg Gln Pro Thr Glu			
225	230	235	240
Leu Glu Val Ala Trp Thr Pro Gly Leu Ser Gly Ile Tyr Pro Leu Thr			
245	250	255	
His Cys Thr Leu Gln Ala Val Leu Ser Asp Asp Gly Met Gly Ile Gln			
260	265	270	
Ala Gly Glu Pro Asp Pro Pro Glu Glu Pro Leu Thr Ser Gln Ala Ser			
275	280	285	
Val Pro Pro His Gln Leu Arg Leu Gly Ser Leu His Pro His Pro Pro			
290	295	300	
Tyr His Ile Arg Val Ala Cys Thr Ser Ser Gln Gly Pro Ser Ser Trp			
305	310	315	320
Thr His Trp Leu Pro Val Glu Thr Pro Glu Gly Val Pro Leu Gly Pro			
325	330	335	
Pro Glu Asn Ile Ser Ala Thr Arg Asn Gly Ser Gln Ala Phe Val His			
340	345	350	
Trp Gln Glu Pro Arg Ala Pro Leu Gln Gly Thr Leu Leu Gly Tyr Arg			
355	360	365	
Leu Ala Tyr Gln Gly Gln Asp Thr Pro Glu Val Leu Met Asp Ile Gly			
370	375	380	

Leu Arg Gln Glu Val Thr Leu Glu Leu Gln Gly Asp Gly Ser Val Ser
 385 390 395 400
 Asn Leu Thr Val Cys Val Ala Ala Tyr Thr Ala Ala Gly Asp Gly Pro
 405 410 415
 Trp Ser Leu Pro Val Pro Leu Glu Ala Trp Arg Pro Gly Glu Ala Gln
 420 425 430
 Pro Val His Gln Leu Val Lys Glu Pro Ser Thr Pro Ala Phe Ser Trp
 435 440 445
 Pro Trp Trp Tyr Val Leu Leu Gly Ala Val Val Ala Ala Ala Cys Val
 450 455 460
 Leu Ile Leu Ala Leu Phe Leu Val His Arg Arg Lys Lys Glu Thr Arg
 465 470 475 480
 Tyr Gly Glu Val Phe Glu Pro Thr Val Glu Arg Gly Glu Leu Val Val
 485 490 495
 Arg Tyr Arg Val Arg Lys Ser Tyr Ser Arg Arg Thr Thr Glu Ala Thr
 500 505 510
 Leu Asn Ser Leu Gly Ile Ser Glu Glu Leu Lys Glu Lys Leu Arg Asp
 515 520 525
 Val Met Val Asp Arg His Lys Val Ala Leu Gly Lys Thr Leu Gly Glu
 530 535 540
 Gly Glu Phe Gly Ala Val Met Glu Gly Gln Leu Asn Gln Asp Asp Ser
 545 550 555 560
 Ile Leu Lys Val Ala Val Lys Thr Met Lys Ile Ala Ile Cys Thr Arg
 565 570 575
 Ser Glu Leu Glu Asp Phe Leu Ser Glu Ala Val Cys Met Lys Glu Phe
 580 585 590
 Asp His Pro Asn Val Met Arg Leu Ile Gly Val Cys Phe Gln Gly Ser
 595 600 605
 Glu Arg Glu Ser Phe Pro Ala Pro Val Val Ile Leu Pr Phe Met Lys

610	615	620	
His Gly Asp Leu His Ser Phe Leu Leu Tyr Ser Arg Leu Gly Gly Gln			
625	630	635	640
Pro Val Tyr Leu Pro Thr Gln Met Leu Val Lys Phe Met Ala Asp Ile			
645	650	655	
Ala Ser Gly Met Glu Tyr Leu Ser Thr Lys Arg Phe Ile His Arg Asp			
660	665	670	
Leu Ala Ala Arg Asn Cys Met Leu Asn Glu Asn Met Ser Val Cys Val			
675	680	685	
Ala Asp Phe Gly Leu Ser Lys Lys Ile Tyr Asn Gly Asp Tyr Tyr Arg			
690	695	700	
Gln Gly Arg Ile Ala Lys Met Pro Val Lys Trp Ile Ala Ile Glu Ser			
705	710	715	720
Leu Ala Asp Arg Val Tyr Thr Ser Lys Ser Asp Val Trp Ser Phe Gly			
725	730	735	
Val Thr Met Trp Glu Ile Ala Thr Arg Gly Gln Thr Pro Tyr Pro Gly			
740	745	750	
Val Glu Asn Ser Glu Ile Tyr Asp Tyr Leu Arg Gln Gly Asn Arg Leu			
755	760	765	
Lys Gln Pro Ala Asp Cys Leu Asp Gly Leu Tyr Ala Leu Met Ser Arg			
770	775	780	
Cys Trp Glu Leu Asn Pro Gln Asp Arg Pro Ser Phe Thr Glu Leu Arg			
785	790	795	800
Glu Asp Leu Glu Asn Thr Leu Lys Ala Leu Pro Pro Ala Gln Glu Pro			
805	810	815	
Asp Glu Ile Leu Tyr Val Asn Met Asp Glu Gly Gly Gly Tyr Pro Glu			
820	825	830	
Pro Pro Gly Ala Ala Gly Gly Ala Asp Pro Pro Thr Gln Pro Asp Pro			
835	840	845	

Lys Asp Ser Cys Ser Cys Leu Thr Ala Ala Glu Val His Pro Ala Gly

850

855

860

Arg Tyr Val Leu Cys Pro Ser Thr Thr Pro Ser Pro Ala Gln Pr Ala

865

870

875

880

Asp Arg Gly Ser Pro Ala Ala Pro Gly Gln Glu Asp Gly Ala

885

890

【 0 3 5 2 】

<210> 27

<211> 3781

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (4)..(2994)

<400> 27

gcc atg gag aac gcg cac acc aag acg gtg gag gag gtg ctg ggc cac 48

Met Glu Asn Ala His Thr Lys Thr Val Glu Glu Val Leu Gly His

1

5

10

15

ttc ggc gtc aac gag agt acg ggg ctg agc ctg gaa cag gtc aag aag 96

Phe Gly Val Asn Glu Ser Thr Gly Leu Ser Leu Glu Gln Val Lys Lys

20

25

30

ctt aag gag aga tgg ggc tcc aac gag tta ccg gct gaa gaa gga aaa 144

Leu Lys Glu Arg Trp Gly Ser Asn Glu Leu Pro Ala Glu Glu Gly Lys

35

40

45

acc ttg ctg gaa ctt gtg att gag cag ttt gaa gac ttg cta gtt agg 192

Thr Leu Leu Glu Leu Val Ile Glu Gln Phe Glu Asp Leu Leu Val Arg

50

55

60

att tta tta ctg gca gca tgt ata tct ttt gtt ttg gct tgg ttt gaa 240

Ile Leu Leu Leu Ala Ala Cys Ile Ser Phe Val Leu Ala Trp Phe Glu

65	70	75	
gaa ggt gaa gaa aca att aca gcc ttt gta gaa cct ttt gta att tta			288
Glu Gly Glu Glu Thr Ile Thr Ala Phe Val Glu Pro Phe Val Ile Leu			
80	85	90	95
ctc ata tta gta gcc aat gca att gtg ggt gta tgg cag gaa aga aat			336
Leu Ile Leu Val Ala Asn Ala Ile Val Gly Val Trp Gln Glu Arg Asn			
	100	105	110
gct gaa aat gcc atc gaa gcc ctt aag gaa tat gag cct gaa atg ggc			384
Ala Glu Asn Ala Ile Glu Ala Leu Lys Glu Tyr Glu Pro Glu Met Gly			
	115	120	125
aaa gtg tat cga cag gac aga aag agt gtg cag cgg att aaa gct aaa			432
Lys Val Tyr Arg Gln Asp Arg Lys Ser Val Gln Arg Ile Lys Ala Lys			
	130	135	140
gac ata gtt cct ggt gat att gta gaa att gct gtt ggt gac aaa gtt			480
Asp Ile Val Pro Gly Asp Ile Val Glu Ile Ala Val Gly Asp Lys Val			
	145	150	155
cct gct gat ata agg tta act tcc atc aaa tct acc aca cta aga gtt			528
Pro Ala Asp Ile Arg Leu Thr Ser Ile Lys Ser Thr Thr Leu Arg Val			
160	165	170	175
gac cag tca att ctc aca ggt gaa tct gtc tct gtc atc aag cac act			576
Asp Gln Ser Ile Leu Thr Gly Glu Ser Val Ser Val Ile Lys His Thr			
	180	185	190
gat ccc gtc cct gac cca cga gct gtc aac caa gat aaa aag aac atg			624
Asp Pro Val Pro Asp Pro Arg Ala Val Asn Gln Asp Lys Lys Asn Met			
	195	200	205
ctg ttt tct ggt aca aac att gct gct ggg aaa gct atg gga gtg gtg			672
Leu Phe Ser Gly Thr Asn Ile Ala Ala Gly Lys Ala Met Gly Val Val			
	210	215	220
gta gca act gga gtt aac acc gaa att ggc aag atc cgg gat gaa atg			720

Val Ala Thr Gly Val Asn Thr Glu Ile Gly Lys Ile Arg Asp Glu Met	
225	230 235
gtg gca aca gaa cag gag aga aca ccc ctt cag caa aaa cta gat gaa	768
Val Ala Thr Glu Gln Glu Arg Thr Pro Leu Gln Gln Lys Leu Asp Glu	
240	245 250 255
ttt ggg gaa cag ctt tcc aaa gtc atc tcc ctt att tgc att gca gtc	816
Phe Gly Glu Gln Leu Ser Lys Val Ile Ser Leu Ile Cys Ile Ala Val	
260	265 270
tgg atc ata aat att ggg cac ttc aat gac ccg gtt cat gga ggg tcc	864
Trp Ile Ile Asn Ile Gly His Phe Asn Asp Pro Val His Gly Gly Ser	
275	280 285
tgg atc aga ggt gct att tac tac ttt aaa att gca gtg gcc ctg gct	912
Trp Ile Arg Gly Ala Ile Tyr Tyr Phe Lys Ile Ala Val Ala Leu Ala	
290	295 300
gta gca gcc att cct gaa ggt ctg cct gca gtc atc acc acc tgc ctg	960
Val Ala Ala Ile Pro Glu Gly Leu Pro Ala Val Ile Thr Thr Cys Leu	
305	310 315
gct ctt gga act cgc aga atg gca aag aaa aat gcc att gtt cga agc	1008
Ala Leu Gly Thr Arg Arg Met Ala Lys Lys Asn Ala Ile Val Arg Ser	
320	325 330 335
ctc ccg tct gtg gaa acc ctt ggt tgt act tct gtt atc tgc tca gac	1056
Leu Pro Ser Val Glu Thr Leu Gly Cys Thr Ser Val Ile Cys Ser Asp	
340	345 350
aag act ggt aca ctt aca aca aac cag atg tca gtc tgc agg atg ttc	1104
Lys Thr Gly Thr Leu Thr Thr Asn Gln Met Ser Val Cys Arg Met Phe	
355	360 365
att ctg gac aga gtg gaa ggt gat act tgt tcc ctt aat gag ttt acc	1152
Ile Leu Asp Arg Val Glu Gly Asp Thr Cys Ser Leu Asn Glu Phe Thr	
370	375 380

ata act gga tca act tat gca cct att gga gaa gtg cat aaa gat gat	1200
Ile Thr Gly Ser Thr Tyr Ala Pro Ile Gly Glu Val His Lys Asp Asp	
385 390 395	
aaa cca gtg aat tgt cac cag tat gat ggt ctg gta gaa tta gca aca	1248
Lys Pro Val Asn Cys His Gln Tyr Asp Gly Leu Val Glu Leu Ala Thr	
400 405 410 415	
att tgt gct ctt tgt aat gac tct gct ttg gat tac aat gag gca aag	1296
Ile Cys Ala Leu Cys Asn Asp Ser Ala Leu Asp Tyr Asn Glu Ala Lys	
420 425 430	
ggg gtg tat gaa aaa gtt gga gaa gct aca gag act gct ctc act tgc	1344
Gly Val Tyr Glu Lys Val Gly Glu Ala Thr Glu Thr Ala Leu Thr Cys	
435 440 445	
cta gta gag aag atg aat gta ttt gat acc gaa ttg aag ggt ctt tct	1392
Leu Val Glu Lys Met Asn Val Phe Asp Thr Glu Leu Lys Gly Leu Ser	
450 455 460	
aaa ata gaa cgt gca aat gcc tgc aac tca gtc att aaa cag ctg atg	1440
Lys Ile Glu Arg Ala Asn Ala Cys Asn Ser Val Ile Lys Gln Leu Met	
465 470 475	
aaa aag gaa ttc act cta gag ttt tca cgt gac aga aag tca atg tcg	1488
Lys Lys Glu Phe Thr Leu Glu Phe Ser Arg Asp Arg Lys Ser Met Ser	
480 485 490 495	
gtt tac tgt aca cca aat aaa cca agc agg aca tca atg agc aag atg	1536
Val Tyr Cys Thr Pro Asn Lys Pro Ser Arg Thr Ser Met Ser Lys Met	
500 505 510	
ttt gtg aag ggt gct cct gaa ggt gtc att gac agg tgc acc cac att	1584
Phe Val Lys Gly Ala Pro Glu Gly Val Ile Asp Arg Cys Thr His Ile	
515 520 525	
cga gtt gga agt act aag gtt cct atg acc tct gga gtc aaa cag aag	1632
Arg Val Gly Ser Thr Lys Val Pro Met Thr Ser Gly Val Lys Gln Lys	

530	535	540	
atc atg tct gtc att cga gag tgg ggt agt ggc agc gac aca ctg cga			1680
Ile Met Ser Val Ile Arg Glu Trp Gly Ser Gly Ser Asp Thr Leu Arg			
545	550	555	
tgc ctg gcc ctg gcc act cat gac aac cca ctg aga aga gaa gaa atg			1728
Cys Leu Ala Leu Ala Thr His Asp Asn Pro Leu Arg Arg Glu Glu Met			
560	565	570	575
cac ctt gag gac tct gcc aac ttt att aaa tat gag acc aat ctg acc			1776
His Leu Glu Asp Ser Ala Asn Phe Ile Lys Tyr Glu Thr Asn Leu Thr			
580	585	590	
ttc gtt ggc tgc gtg ggc atg ctg gat cct ccg aga atc gag gtg gcc			1824
Phe Val Gly Cys Val Gly Met Leu Asp Pro Pro Arg Ile Glu Val Ala			
595	600	605	
tcc tcc gtg aag ctg tgc cgg caa gca ggc atc cgg gtc atc atg atc			1872
Ser Ser Val Lys Leu Cys Arg Gln Ala Gly Ile Arg Val Ile Met Ile			
610	615	620	
act ggg gac aac aag ggc act gct gtg gcc atc tgt cgc cgc atc ggc			1920
Thr Gly Asp Asn Lys Gly Thr Ala Val Ala Ile Cys Arg Arg Ile Gly			
625	630	635	
atc ttc ggg cag gat gag gac gtg acg tca aaa gct ttc aca ggc cgg			1968
Ile Phe Gly Gln Asp Glu Asp Val Thr Ser Lys Ala Phe Thr Gly Arg			
640	645	650	655
gag ttt gat gaa ctc aac ccc tcc gcc cag cga gac gcc tgc ctg aac			2016
Glu Phe Asp Glu Leu Asn Pro Ser Ala Gln Arg Asp Ala Cys Leu Asn			
660	665	670	
gcc cgc tgt ttt gct cga gtt gaa ccc tcc cac aag tct aaa atc gta			2064
Ala Arg Cys Phe Ala Arg Val Glu Pro Ser His Lys Ser Lys Ile Val			
675	680	685	
gaa ttt ctt cag tct ttt gat gag att aca gct atg act ggc gat ggc			2112

Glu Phe Leu Gln Ser Phe Asp Glu Ile Thr Ala Met Thr Gly Asp Gly	
690	695
700	
gtg aac gat gct cct gct ctg aag aaa gcc gag att ggc att gct atg	2160
Val Asn Asp Ala Pro Ala Leu Lys Lys Ala Glu Ile Gly Ile Ala Met	
705	710
715	
ggc tct ggc act gcg gtg gct aaa acc gcc tct gag atg gtc ctg gcg	2208
Gly Ser Gly Thr Ala Val Ala Lys Thr Ala Ser Glu Met Val Leu Ala	
720	725
730	735
gat gac aac ttc tcc acc att gtg gct gcc gtt gag gag ggg cgg gca	2256
Asp Asp Asn Phe Ser Thr Ile Val Ala Ala Val Glu Glu Gly Arg Ala	
740	745
750	
atc tac aac aac atg aaa cag ttc atc cgc tac ctc atc tcg tcc aac	2304
Ile Tyr Asn Asn Met Lys Gln Phe Ile Arg Tyr Leu Ile Ser Ser Asn	
755	760
765	
gtc ggg gaa gtt gtc tgt att ttc ctg aca gca gcc ctt gga ttt ccc	2352
Val Gly Glu Val Val Cys Ile Phe Leu Thr Ala Ala Leu Gly Phe Pro	
770	775
780	
gag gct ttg att cct gtt cag ctg ctc tgg gtc aat ctg gtg aca gat	2400
Glu Ala Leu Ile Pro Val Gln Leu Leu Trp Val Asn Leu Val Thr Asp	
785	790
795	
ggc ctg cct gcc act gca ctg ggg ttc aac cct cct gat ctg gac atc	2448
Gly Leu Pro Ala Thr Ala Leu Gly Phe Asn Pro Pro Asp Leu Asp Ile	
800	805
810	815
atg aat aaa cct ccc cgg aac cca aag gaa cca ttg atc agc ggg tgg	2496
Met Asn Lys Pro Pro Arg Asn Pro Lys Glu Pro Leu Ile Ser Gly Trp	
820	825
830	
ctc ttt ttc cgt tac ttg gct att ggc tgt tac gtc ggc gct gct acc	2544
Leu Phe Phe Arg Tyr Leu Ala Ile Gly Cys Tyr Val Gly Ala Ala Thr	
835	840
845	

gtg ggt gct gct gca tgg tgg ttc att gct gct gac ggt ggt cca aga	2592
Val Gly Ala Ala Ala Trp Trp Phe Ile Ala Ala Asp Gly Gly Pro Arg	
850 855 860	
gtg tcc ttc tac cag ctg agt cat ttc cta cag tgt aaa gag gac aac	2640
Val Ser Phe Tyr Gln Leu Ser His Phe Leu Gln Cys Lys Glu Asp Asn	
865 870 875	
ccg gac ttt gaa ggc gtg gat tgt gca atc ttt gaa tcc cca tac ccg	2688
Pro Asp Phe Glu Gly Val Asp Cys Ala Ile Phe Glu Ser Pro Tyr Pro	
880 885 890 895	
atg aca atg gcg ctc tct gtt cta gta act ata gaa atg tgt aac gcc	2736
Met Thr Met Ala Leu Ser Val Leu Val Thr Ile Glu Met Cys Asn Ala	
900 905 910	
ctc aac agc ttg tcc gaa aac cag tcc ttg ctg agg atg ccc ccc tgg	2784
Leu Asn Ser Leu Ser Glu Asn Gln Ser Leu Leu Arg Met Pro Pro Trp	
915 920 925	
gag aac atc tgg ctc gtg ggc tcc atc tgc ctg tcc atg tca ctc cac	2832
Glu Asn Ile Trp Leu Val Gly Ser Ile Cys Leu Ser Met Ser Leu His	
930 935 940	
ttc ctg atc ctc tat gtc gaa ccc ttg cca ctc atc ttc cag atc aca	2880
Phe Leu Ile Leu Tyr Val Glu Pro Leu Pro Leu Ile Phe Gln Ile Thr	
945 950 955	
ccg ctg aac gtg acc cag tgg ctg atg gtg ctg aaa atc tcc ttg ccc	2928
Pro Leu Asn Val Thr Gln Trp Leu Met Val Leu Lys Ile Ser Leu Pro	
960 965 970 975	
gtg att ctc atg gat gag acg ctc aag ttt gtg gcc cgc aac tac ctg	2976
Val Ile Leu Met Asp Glu Thr Leu Lys Phe Val Ala Arg Asn Tyr Leu	
980 985 990	
gaa cct gca ata ctg gag taaccgcttc ctaaaccatt ttgcagaaat	3024
Glu Pro Ala Ile Leu Glu	

995

gtaagggtgt tcggttgcgt gcatgtgcgt ttttagcaac acatctacca accctgtgca 3084
 tgactgatgt tggggaaaaa gaaaagtaaa aaacttccca actcactttg tgttatgtgg 3144
 aggaaatgtg tattaccaat ggggttggtta gcttttaaat caaaatactg attacagatg 3204
 tacaatttag cttaatcaga aagcctctcc agagaagttt ggtttctttg ctgcaagagg 3264
 aatgaggctc tgtaacctta tctaagaact tggaagccgt cagccaagtc gccacatttc 3324
 tctgcaaaat gtcatagtct atataaatgt acagtattca attgtaatgc atgcttcggt 3384
 tgtaagtagc cagatccctc tccagtgaca ttggaacatg ctacttttta attggccctg 3444
 tacagtttgc ttatttataa attcattaaa aacactacag gtgttgaatg gttaaaatgt 3504
 aggcctccag ttcattttca gttattttct gagtgtgcag acagctattt cgcactgtat 3564
 taaatgtaac ttatttaatg aaatcagaag cagtagacag atgttggtgc aatacaaata 3624
 ttgtgatgca tttatcttaa taaaatgcta aatgtcaatt tatcactgcg catgtttgac 3684
 tttagactgt aaatagagat cagtttggtt ctttctgtgc tgtaacaat gagcgtcgca 3744
 cagacatggt ttcaggtaaa taaatctatt ctatgat 3781

【 0 3 5 3 】

<210> 28

<211> 997

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 28

Met Glu Asn Ala His Thr Lys Thr Val Glu Glu Val Leu Gly His Phe

1 5 10 15

Gly Val Asn Glu Ser Thr Gly Leu Ser Leu Glu Gln Val Lys Lys Leu

20 25 30

Lys Glu Arg Trp Gly Ser Asn Glu Leu Pro Ala Glu Glu Gly Lys Thr

35 40 45

Leu Leu Glu Leu Val Ile Glu Gln Phe Glu Asp Leu Leu Val Arg Ile

50 55 60

Leu Leu Leu Ala Ala Cys Ile Ser Phe Val Leu Ala Trp Phe Glu Glu

65	70	75	80
Gly Glu Glu Thr Ile Thr Ala Phe Val Glu Pro Phe Val Ile Leu Leu			
85	90	95	
Ile Leu Val Ala Asn Ala Ile Val Gly Val Trp Gln Glu Arg Asn Ala			
100	105	110	
Glu Asn Ala Ile Glu Ala Leu Lys Glu Tyr Glu Pro Glu Met Gly Lys			
115	120	125	
Val Tyr Arg Gln Asp Arg Lys Ser Val Gln Arg Ile Lys Ala Lys Asp			
130	135	140	
Ile Val Pro Gly Asp Ile Val Glu Ile Ala Val Gly Asp Lys Val Pro			
145	150	155	160
Ala Asp Ile Arg Leu Thr Ser Ile Lys Ser Thr Thr Leu Arg Val Asp			
165	170	175	
Gln Ser Ile Leu Thr Gly Glu Ser Val Ser Val Ile Lys His Thr Asp			
180	185	190	
Pro Val Pro Asp Pro Arg Ala Val Asn Gln Asp Lys Lys Asn Met Leu			
195	200	205	
Phe Ser Gly Thr Asn Ile Ala Ala Gly Lys Ala Met Gly Val Val Val			
210	215	220	
Ala Thr Gly Val Asn Thr Glu Ile Gly Lys Ile Arg Asp Glu Met Val			
225	230	235	240
Ala Thr Glu Gln Glu Arg Thr Pro Leu Gln Gln Lys Leu Asp Glu Phe			
245	250	255	
Gly Glu Gln Leu Ser Lys Val Ile Ser Leu Ile Cys Ile Ala Val Trp			
260	265	270	
Ile Ile Asn Ile Gly His Phe Asn Asp Pro Val His Gly Gly Ser Trp			
275	280	285	
Ile Arg Gly Ala Ile Tyr Tyr Phe Lys Ile Ala Val Ala Leu Ala Val			
290	295	300	

Ala Ala Ile Pro Glu Gly Leu Pro Ala Val Ile Thr Thr Cys Leu Ala
 305 310 315 320
 Leu Gly Thr Arg Arg Met Ala Lys Lys Asn Ala Ile Val Arg Ser Leu
 325 330 335
 Pro Ser Val Glu Thr Leu Gly Cys Thr Ser Val Ile Cys Ser Asp Lys
 340 345 350
 Thr Gly Thr Leu Thr Thr Asn Gln Met Ser Val Cys Arg Met Phe Ile
 355 360 365
 Leu Asp Arg Val Glu Gly Asp Thr Cys Ser Leu Asn Glu Phe Thr Ile
 370 375 380
 Thr Gly Ser Thr Tyr Ala Pro Ile Gly Glu Val His Lys Asp Asp Lys
 385 390 395 400
 Pro Val Asn Cys His Gln Tyr Asp Gly Leu Val Glu Leu Ala Thr Ile
 405 410 415
 Cys Ala Leu Cys Asn Asp Ser Ala Leu Asp Tyr Asn Glu Ala Lys Gly
 420 425 430
 Val Tyr Glu Lys Val Gly Glu Ala Thr Glu Thr Ala Leu Thr Cys Leu
 435 440 445
 Val Glu Lys Met Asn Val Phe Asp Thr Glu Leu Lys Gly Leu Ser Lys
 450 455 460
 Ile Glu Arg Ala Asn Ala Cys Asn Ser Val Ile Lys Gln Leu Met Lys
 465 470 475 480
 Lys Glu Phe Thr Leu Glu Phe Ser Arg Asp Arg Lys Ser Met Ser Val
 485 490 495
 Tyr Cys Thr Pro Asn Lys Pro Ser Arg Thr Ser Met Ser Lys Met Phe
 500 505 510
 Val Lys Gly Ala Pro Glu Gly Val Ile Asp Arg Cys Thr His Ile Arg
 515 520 525
 Val Gly Ser Thr Lys Val Pro Met Thr Ser Gly Val Lys Gln Lys Ile

530	535	540	
Met Ser Val Ile Arg Glu Trp Gly Ser Gly Ser Asp Thr Leu Arg Cys			
545	550	555	560
Leu Ala Leu Ala Thr His Asp Asn Pro Leu Arg Arg Glu Glu Met His			
565	570	575	
Leu Glu Asp Ser Ala Asn Phe Ile Lys Tyr Glu Thr Asn Leu Thr Phe			
580	585	590	
Val Gly Cys Val Gly Met Leu Asp Pro Pro Arg Ile Glu Val Ala Ser			
595	600	605	
Ser Val Lys Leu Cys Arg Gln Ala Gly Ile Arg Val Ile Met Ile Thr			
610	615	620	
Gly Asp Asn Lys Gly Thr Ala Val Ala Ile Cys Arg Arg Ile Gly Ile			
625	630	635	640
Phe Gly Gln Asp Glu Asp Val Thr Ser Lys Ala Phe Thr Gly Arg Glu			
645	650	655	
Phe Asp Glu Leu Asn Pro Ser Ala Gln Arg Asp Ala Cys Leu Asn Ala			
660	665	670	
Arg Cys Phe Ala Arg Val Glu Pro Ser His Lys Ser Lys Ile Val Glu			
675	680	685	
Phe Leu Gln Ser Phe Asp Glu Ile Thr Ala Met Thr Gly Asp Gly Val			
690	695	700	
Asn Asp Ala Pro Ala Leu Lys Lys Ala Glu Ile Gly Ile Ala Met Gly			
705	710	715	720
Ser Gly Thr Ala Val Ala Lys Thr Ala Ser Glu Met Val Leu Ala Asp			
725	730	735	
Asp Asn Phe Ser Thr Ile Val Ala Ala Val Glu Glu Gly Arg Ala Ile			
740	745	750	
Tyr Asn Asn Met Lys Gln Phe Ile Arg Tyr Leu Ile Ser Ser Asn Val			
755	760	765	

Gly Glu Val Val Cys Ile Phe Leu Thr Ala Ala Leu Gly Phe Pro Glu
770 775 780
Ala Leu Ile Pro Val Gln Leu Leu Trp Val Asn Leu Val Thr Asp Gly
785 790 795 800
Leu Pro Ala Thr Ala Leu Gly Phe Asn Pro Pro Asp Leu Asp Ile Met
805 810 815
Asn Lys Pro Pro Arg Asn Pro Lys Glu Pro Leu Ile Ser Gly Trp Leu
820 825 830
Phe Phe Arg Tyr Leu Ala Ile Gly Cys Tyr Val Gly Ala Ala Thr Val
835 840 845
Gly Ala Ala Ala Trp Trp Phe Ile Ala Ala Asp Gly Gly Pro Arg Val
850 855 860
Ser Phe Tyr Gln Leu Ser His Phe Leu Gln Cys Lys Glu Asp Asn Pro
865 870 875 880
Asp Phe Glu Gly Val Asp Cys Ala Ile Phe Glu Ser Pro Tyr Pro Met
885 890 895
Thr Met Ala Leu Ser Val Leu Val Thr Ile Glu Met Cys Asn Ala Leu
900 905 910
Asn Ser Leu Ser Glu Asn Gln Ser Leu Leu Arg Met Pro Pro Trp Glu
915 920 925
Asn Ile Trp Leu Val Gly Ser Ile Cys Leu Ser Met Ser Leu His Phe
930 935 940
Leu Ile Leu Tyr Val Glu Pro Leu Pro Leu Ile Phe Gln Ile Thr Pro
945 950 955 960
Leu Asn Val Thr Gln Trp Leu Met Val Leu Lys Ile Ser Leu Pro Val
965 970 975
Ile Leu Met Asp Glu Thr Leu Lys Phe Val Ala Arg Asn Tyr Leu Glu
980 985 990
Pro Ala Ile Leu Glu

995

【 0 3 5 4 】

<210> 29

<211> 1103

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (133)..(834)

<400> 29

cttcggtcct gctgtagtgc cttctgcgcc aggcccggtt caatcagcgg ccacaactgt 60
ctagggctca gacaccacca gccaatgagg gagggcacgt ggagccgcgt ctgggctcgc 120
ggctcctgac ca atg ggg aag tgg cat gtg gga ggg cgc cgg ggt tcc ccc 171

Met Gly Lys Trp His Val Gly Gly Arg Arg Gly Ser Pro

1 5 10

cgc caa tgg gga gct acg gcg cgc ggc cgg gac ttg gag gcg gtg cgg 219
Arg Gln Trp Gly Ala Thr Ala Arg Gly Arg Asp Leu Glu Ala Val Arg

15 20 25

cgc ggc ggg tgc ggt tca gtc ggt cgg cgg cgg cag cgg agg agg agg 267
Arg Gly Gly Cys Gly Ser Val Gly Arg Arg Arg Gln Arg Arg Arg Arg

30 35 40 45

agg agg agg agg atg agg agg atg agg agg atg tgg gcc acg cag ggg 315
Arg Arg Arg Arg Met Arg Arg Met Arg Arg Met Trp Ala Thr Gln Gly

50 55 60

ctg gcg gtg cgc gtg gct ctg agc gtg ctg ccg ggc agc cgg gcg ctg 363
Leu Ala Val Arg Val Ala Leu Ser Val Leu Pro Gly Ser Arg Ala Leu

65 70 75

cgg ccg ggc gac tgc gaa gtt tgt att tct tat ctg gga aga ttt tac 411
Arg Pro Gly Asp Cys Glu Val Cys Ile Ser Tyr Leu Gly Arg Phe Tyr

80	85	90	
cag gac ctc aaa gac aga gat gtc aca ttc tca cca gcc act att gaa			459
Gln Asp Leu Lys Asp Arg Asp Val Thr Phe Ser Pro Ala Thr Ile Glu			
95	100	105	
aac gaa ctt ata aag ttc tgc cgg gaa gca aga ggc aaa gag aat cgg			507
Asn Glu Leu Ile Lys Phe Cys Arg Glu Ala Arg Gly Lys Glu Asn Arg			
110	115	120	125
ttg tgc tac tat atc ggg gcc aca gat gat gca gcc acc aaa atc atc			555
Leu Cys Tyr Tyr Ile Gly Ala Thr Asp Asp Ala Ala Thr Lys Ile Ile			
130	135	140	
aat gag gta tca aag cct ctg gcc cac cac atc cct gtg gag aag atc			603
Asn Glu Val Ser Lys Pro Leu Ala His His Ile Pro Val Glu Lys Ile			
145	150	155	
tgt gag aag ctt aag aag aag gac agc cag ata tgt gag ctt aag tat			651
Cys Glu Lys Leu Lys Lys Lys Asp Ser Gln Ile Cys Glu Leu Lys Tyr			
160	165	170	
gac aag cag atc gac ctg agc aca gtg gac ctg aag aag ctc cga gtt			699
Asp Lys Gln Ile Asp Leu Ser Thr Val Asp Leu Lys Lys Leu Arg Val			
175	180	185	
aaa gag ctg aag aag att ctg gat gac tgg ggg gag aca tgc aaa ggc			747
Lys Glu Leu Lys Lys Ile Leu Asp Asp Trp Gly Glu Thr Cys Lys Gly			
190	195	200	205
tgt gca gaa aag tct gac tac atc cgg aag ata aat gaa ctg atg cct			795
Cys Ala Glu Lys Ser Asp Tyr Ile Arg Lys Ile Asn Glu Leu Met Pro			
210	215	220	
aaa tat gcc ccc aag gca gcc agt gca ccg acc gat ttg tagtctgctc			844
Lys Tyr Ala Pro Lys Ala Ala Ser Ala Pro Thr Asp Leu			
225	230		
aatctctgtt gcacctgagg gggaaaaaac agttcaactg cttactccca aaacagcctt			904

tttctaattt attttttaag tgggtctcctg acaataactgt atcagatgtg aagcctggag 964
 ctttcctgat gatgctggcc ctacagtacc cccatgaggg gattcccttc cttctgttgc 1024
 tgggtgtactc taggacttca aagtgtgtct gggatttttt tattaaagaa aaaaaatttc 1084
 tagctgtcaa aaaaaaaaaa 1103

【 0 3 5 5 】

<210> 30

<211> 234

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 30

Met	Gly	Lys	Trp	His	Val	Gly	Gly	Arg	Arg	Gly	Ser	Pro	Arg	Gln	Trp
1				5				10						15	
Gly	Ala	Thr	Ala	Arg	Gly	Arg	Asp	Leu	Glu	Ala	Val	Arg	Arg	Gly	Gly
				20				25						30	
Cys	Gly	Ser	Val	Gly	Arg	Arg	Arg	Gln	Arg	Arg	Arg	Arg	Arg	Arg	Arg
				35				40						45	
Arg	Met	Arg	Arg	Met	Arg	Arg	Met	Trp	Ala	Thr	Gln	Gly	Leu	Ala	Val
				50				55						60	
Arg	Val	Ala	Leu	Ser	Val	Leu	Pro	Gly	Ser	Arg	Ala	Leu	Arg	Pro	Gly
				65				70						75	80
Asp	Cys	Glu	Val	Cys	Ile	Ser	Tyr	Leu	Gly	Arg	Phe	Tyr	Gln	Asp	Leu
				85				90						95	
Lys	Asp	Arg	Asp	Val	Thr	Phe	Ser	Pro	Ala	Thr	Ile	Glu	Asn	Glu	Leu
				100				105						110	
Ile	Lys	Phe	Cys	Arg	Glu	Ala	Arg	Gly	Lys	Glu	Asn	Arg	Leu	Cys	Tyr
				115				120						125	
Tyr	Ile	Gly	Ala	Thr	Asp	Asp	Ala	Ala	Thr	Lys	Ile	Ile	Asn	Glu	Val
				130				135						140	
Ser	Lys	Pro	Leu	Ala	His	His	Ile	Pro	Val	Glu	Lys	Ile	Cys	Glu	Lys

145 150 155 160
 Leu Lys Lys Lys Asp Ser Gln Ile Cys Glu Leu Lys Tyr Asp Lys Gln
 165 170 175
 Ile Asp Leu Ser Thr Val Asp Leu Lys Lys Leu Arg Val Lys Glu Leu
 180 185 190
 Lys Lys Ile Leu Asp Asp Trp Gly Glu Thr Cys Lys Gly Cys Ala Glu
 195 200 205
 Lys Ser Asp Tyr Ile Arg Lys Ile Asn Glu Leu Met Pro Lys Tyr Ala
 210 215 220
 Pro Lys Ala Ala Ser Ala Pro Thr Asp Leu
 225 230

【 0 3 5 6 】

<210> 31
 <211> 1860
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens
 <220>
 <221> CDS
 <222> (94)..(1266)
 <400> 31

cgtgaacggt cggtgcagag attgcgggcg gctgagacgc cgcctgcctg gcacctagga 60
 gcgcagcgga gccccgacac cgccgccgcc gcc atg gag tcc gag acc gaa ccc 114

Met Glu Ser Glu Thr Glu Pro

1

5

gag ccc gtc acg ctc ctg gtg aag agc ccc aac cag cgc cac cgc gac 162
 Glu Pro Val Thr Leu Leu Val Lys Ser Pro Asn Gln Arg His Arg Asp

10

15

20

ttg gag ctg agt ggc gac cgc ggc tgg agt gtg ggc cac ctc aag gcc 210
 Leu Glu Leu Ser Gly Asp Arg Gly Trp Ser Val Gly His Leu Lys Ala

25	30	35	
cac ctg agc cgc gtc tac ccc gag cgt ccg cgt cca gag gac cag agg	258		
His Leu Ser Arg Val Tyr Pro Glu Arg Pro Arg Pro Glu Asp Gln Arg			
40	45	50	55
tta att tat tct ggg aag ctg ttg ttg gat cac caa tgt ctc agg gac	306		
Leu Ile Tyr Ser Gly Lys Leu Leu Leu Asp His Gln Cys Leu Arg Asp			
60	65	70	
ttg ctt cca aag cag gaa aaa cgg cat gtt ttg cat ctg gtg tgc aat	354		
Leu Leu Pro Lys Gln Glu Lys Arg His Val Leu His Leu Val Cys Asn			
75	80	85	
gtg aag agt cct tca aaa atg cca gaa atc aac gcc aag gtg gct gaa	402		
Val Lys Ser Pro Ser Lys Met Pro Glu Ile Asn Ala Lys Val Ala Glu			
90	95	100	
tcc aca gag gag cct gct ggt tct aat cgg gga cag tat cct gag gat	450		
Ser Thr Glu Glu Pro Ala Gly Ser Asn Arg Gly Gln Tyr Pro Glu Asp			
105	110	115	
tcc tca agt gat ggt tta agg caa agg gaa gtt ctt cgg aac ctt tct	498		
Ser Ser Ser Asp Gly Leu Arg Gln Arg Glu Val Leu Arg Asn Leu Ser			
120	125	130	135
tcc cct gga tgg gaa aac atc tca agg cct gaa gct gcc cag cag gca	546		
Ser Pro Gly Trp Glu Asn Ile Ser Arg Pro Glu Ala Ala Gln Gln Ala			
140	145	150	
ttc caa ggc ctg ggt cct ggt ttc tcc ggt tac aca ccc tat ggg tgg	594		
Phe Gln Gly Leu Gly Pro Gly Phe Ser Gly Tyr Thr Pro Tyr Gly Trp			
155	160	165	
ctt cag ctt tcc tgg ttc cag cag ata tat gca cga cag tac tac atg	642		
Leu Gln Leu Ser Trp Phe Gln Gln Ile Tyr Ala Arg Gln Tyr Tyr Met			
170	175	180	
caa tat tta gca gcc act gct gca tca ggg gct ttt gtt cca cca cca	690		

Gln Tyr Leu Ala Ala Thr Ala Ala Ser Gly Ala Phe Val Pro Pro Pro	
185	190
195	
agt gca caa gag ata cct gtg gtc tct gca cct gct cca gcc cct att	738
Ser Ala Gln Glu Ile Pro Val Val Ser Ala Pro Ala Pro Ala Pro Ile	
200	205
210	215
cac aac cag ttt cca gct gaa aac cag cct gcc aat cag aat gct gct	786
His Asn Gln Phe Pro Ala Glu Asn Gln Pro Ala Asn Gln Asn Ala Ala	
220	225
230	
cct caa gtg gtt gtt aat cct gga gcc aat caa aat ttg cgg atg aat	834
Pro Gln Val Val Val Asn Pro Gly Ala Asn Gln Asn Leu Arg Met Asn	
235	240
245	
gca caa ggt ggc cct att gtg gaa gaa gat gat gaa ata aat cga gat	882
Ala Gln Gly Gly Pro Ile Val Glu Glu Asp Asp Glu Ile Asn Arg Asp	
250	255
260	
tgg ttg gat tgg acc tat tca gca gct aca ttt tct gtt ttt ctc agt	930
Trp Leu Asp Trp Thr Tyr Ser Ala Ala Thr Phe Ser Val Phe Leu Ser	
265	270
275	
atc ctc tac ttc tac tcc tcc ctg agc aga ttc ctc atg gtc atg ggg	978
Ile Leu Tyr Phe Tyr Ser Ser Leu Ser Arg Phe Leu Met Val Met Gly	
280	285
290	295
gcc acc gtt gtt atg tac ctg cat cac gtt ggg tgg ttt cca ttt aga	1026
Ala Thr Val Val Met Tyr Leu His His Val Gly Trp Phe Pro Phe Arg	
300	305
310	
ccg agg ccg gtt cag aac ttc cca aat gat ggt cct cct cct gac gtt	1074
Pro Arg Pro Val Gln Asn Phe Pro Asn Asp Gly Pro Pro Pro Asp Val	
315	320
325	
gta aat cag gac ccc aac aat aac tta cag gaa ggc act gat cct gaa	1122
Val Asn Gln Asp Pro Asn Asn Asn Leu Gln Glu Gly Thr Asp Pro Glu	
330	335
340	

act gaa gac ccc aac cac ctc cct cca gac agg gat gta cta gat ggc 1170

Thr Glu Asp Pro Asn His Leu Pro Pro Asp Arg Asp Val Leu Asp Gly

345

350

355

gag cag acc agc ccc tcc ttt atg agc aca gca tgg ctt gtc ttc aag 1218

Glu Gln Thr Ser Pro Ser Phe Met Ser Thr Ala Trp Leu Val Phe Lys

360

365

370

375

act ttc ttt gcc tct ctt ctt cca gaa ggc ccc cca gcc atc gca aac 1266

Thr Phe Phe Ala Ser Leu Leu Pro Glu Gly Pro Pro Ala Ile Ala Asn

380

385

390

tgatgggtgtt tgtgctgtag ctgttgagg ctttgacagg aatggactgg atcacctgac 1326

tccagctaga ttgcctctcc tggacatggc aatgatgagt ttttaaaaaa cagtgtggat 1386

gatgatatgc ttttgtgagc aagcaaaagc agaaacgtga agccgtgata caaattgggtg 1446

aacaaaaaat gcccaaggct tctcatgtgt ttattctgaa gagctttaat atatactcta 1506

tgtagttaa taagcactgt acgtagaagg ccttaggtgt tgcattgcta tgcttgagga 1566

acttttccaa atgtgtgtgt ctgcatgtgt gtttgtacat agaagtcata gatgcagaag 1626

tggttctgct ggtaagattt gattcctgtt ggaatgttta aattacacta agtgtactac 1686

tttatataat caatgaaatt gctagacatg ttttagcagg acttttctag gaaagactta 1746

tgtataattg ctttttaaaa tgcagtgttt tacttttaaac taaggggaac tttgcggagg 1806

tgaaaacctt tgctgggttt tctgttcaat aaagttttac tatgaatgac cctg 1860

【 0 3 5 7 】

<210> 32

<211> 391

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 32

Met Glu Ser Glu Thr Glu Pro Glu Pro Val Thr Leu Leu Val Lys Ser

1

5

10

15

Pro Asn Gln Arg His Arg Asp Leu Glu Leu Ser Gly Asp Arg Gly Trp

20

25

30

Ser Val Gly His Leu Lys Ala His Leu Ser Arg Val Tyr Pro Glu Arg
35 40 45
Pro Arg Pro Glu Asp Gln Arg Leu Ile Tyr Ser Gly Lys Leu Leu Leu
50 55 60
Asp His Gln Cys Leu Arg Asp Leu Leu Pro Lys Gln Glu Lys Arg His
65 70 75 80
Val Leu His Leu Val Cys Asn Val Lys Ser Pro Ser Lys Met Pro Glu
85 90 95
Ile Asn Ala Lys Val Ala Glu Ser Thr Glu Glu Pro Ala Gly Ser Asn
100 105 110
Arg Gly Gln Tyr Pro Glu Asp Ser Ser Ser Asp Gly Leu Arg Gln Arg
115 120 125
Glu Val Leu Arg Asn Leu Ser Ser Pro Gly Trp Glu Asn Ile Ser Arg
130 135 140
Pro Glu Ala Ala Gln Gln Ala Phe Gln Gly Leu Gly Pro Gly Phe Ser
145 150 155 160
Gly Tyr Thr Pro Tyr Gly Trp Leu Gln Leu Ser Trp Phe Gln Gln Ile
165 170 175
Tyr Ala Arg Gln Tyr Tyr Met Gln Tyr Leu Ala Ala Thr Ala Ala Ser
180 185 190
Gly Ala Phe Val Pro Pro Pro Ser Ala Gln Glu Ile Pro Val Val Ser
195 200 205
Ala Pro Ala Pro Ala Pro Ile His Asn Gln Phe Pro Ala Glu Asn Gln
210 215 220
Pro Ala Asn Gln Asn Ala Ala Pro Gln Val Val Val Asn Pro Gly Ala
225 230 235 240
Asn Gln Asn Leu Arg Met Asn Ala Gln Gly Gly Pro Ile Val Glu Glu
245 250 255
Asp Asp Glu Ile Asn Arg Asp Trp Leu Asp Trp Thr Tyr Ser Ala Ala

260	265	270
Thr Phe Ser Val Phe Leu Ser Ile Leu Tyr Phe Tyr Ser Ser Leu Ser		
275	280	285
Arg Phe Leu Met Val Met Gly Ala Thr Val Val Met Tyr Leu His His		
290	295	300
Val Gly Trp Phe Pro Phe Arg Pro Arg Pro Val Gln Asn Phe Pro Asn		
305	310	315
Asp Gly Pro Pro Pro Asp Val Val Asn Gln Asp Pro Asn Asn Asn Leu		
325	330	335
Gln Glu Gly Thr Asp Pro Glu Thr Glu Asp Pro Asn His Leu Pro Pro		
340	345	350
Asp Arg Asp Val Leu Asp Gly Glu Gln Thr Ser Pro Ser Phe Met Ser		
355	360	365
Thr Ala Trp Leu Val Phe Lys Thr Phe Phe Ala Ser Leu Leu Pro Glu		
370	375	380
Gly Pro Pro Ala Ile Ala Asn		
385	390	

【 0 3 5 8 】

<210> 33

<211> 4067

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (812)..(1138)

<400> 33

cttgaatctt ggggcaggaa ctcagaaaac ticcagcccg ggcagcgcg cgttggtgca 60
 agactcagga gctagcagcc cgtccccctc cgactctccg gtgccgccgc tgcctgctcc 120
 cgccacccta ggaggcgcg tgccaccac tactctgtcc tctgcctgtg ctccgtgccc 180

gaccctatcc cggcggagtc tccccatcct cctttgcttt ccgactgccc aaggcacttt 240
 caatctcaat ctcttctctc tctctctctc tctctctgtc tctctctctc tctctctctc 300
 tctctctctc gcaggggtgg gggaagagga ggaggaattc tttccccgcc taacatttca 360
 agggacacaa ttcactccaa gtctcttccc ttccaagcc gcttccgaag tgctcccgt 420
 gcccgcacct cctgatccca acccgcgaga ggagccctcig cgacctcaaa gcctctcttc 480
 ctcttccctc gcttccctcc tctcttctgt acctccacct ccaccgccac ctccacctcc 540
 ggcacccacc caccgccgcc gccgccaccg gcagcgctc ctctctctct cctcctctc 600
 cctcttctc ttttggcag ccgctggacg tccggtgtg atggtggcag cggcggcagc 660
 ctaagcaaca gcagccctcg cagcccgcca gctcgcgctc gccccgccgg cgtccccagc 720
 cctatcacct catctccga aaggtgctgg gcagctccgg ggcggtcgag gcgaagcggc 780
 tgcagcggcg gtagcggcgg cgggaggcag g atg agc gca cgc ggt gag ggc 832

Met Ser Ala Arg Gly Glu Gly

1

5

gcg ggg cag ccg tcc act tca gcc cag gga caa cct gcc gcc cca gcg 880
 Ala Gly Gln Pro Ser Thr Ser Ala Gln Gly Gln Pro Ala Ala Pro Ala

10

15

20

cct cag aag aga gga cgc ggc cgc ccc agg aag cag cag caa gaa cca 928
 Pro Gln Lys Arg Gly Arg Gly Arg Pro Arg Lys Gln Gln Gln Glu Pro

25

30

35

acc ggt gag ccc tct cct aag aga ccc agg gga aga ccc aaa ggc agc 976
 Thr Gly Glu Pro Ser Pro Lys Arg Pro Arg Gly Arg Pro Lys Gly Ser

40

45

50

55

aaa aac aag agt ccc tct aaa gca gct caa aag aaa gca gaa gcc act 1024
 Lys Asn Lys Ser Pro Ser Lys Ala Ala Gln Lys Lys Ala Glu Ala Thr

60

65

70

gga gaa aaa cgg cca aga ggc aga cct agg aaa tgg cca caa caa gtt 1072
 Gly Glu Lys Arg Pro Arg Gly Arg Pro Arg Lys Trp Pro Gln Gln Val

75

80

85

gtt cag aag aag cct gct cag gag gaa act gaa gag aca tcc tca caa 1120

Val Gln Lys Lys Pro Ala Gln Glu Glu Thr Glu Glu Thr Ser Ser Gln

90

95

100

gag tct gcc gaa gag gac tagggggcgc aacgttcgat ttctacctca 1168

Glu Ser Ala Glu Glu Asp

105

gcagcagttg gatcttttga agggagaaga cactgcagtg accacttatt ctgtattgcc 1228

atgggtctttc cacttttcac tgggggtgggg tgggggtgggg tgggggaggg ggggggtgggg 1288

tggggagaaa tcacataacc ttaaaaagga ctatattaat caccttcttt gtaatccctt 1348

cacagtccca ggtttagtga aaaactgctg taaacacagg ggacacagct taacaatgca 1408

acttttaatt actgttttct tttttcttaa cctactaata gtttgttgat ctgataagca 1468

agagtgggcg ggtgagaaaa accgaattgg gtttagtcaa tcactgcact gcatgcaaac 1528

aagaaacgtg tcacacttgt gacgtcgggc attcatatag gaagaacgcg gtgtgtaaca 1588

ctgtgtacac ctcaaatacc accccaaccc actccctgta gtgaatcctc tgtttagaac 1648

accaaagata aggactagat actactttct ctttttcgta taatcttgta gacacttact 1708

tgatgatttt taacttttta tttctaaatg agacgaaatg ctgatgtatc ctttcattca 1768

gctaacaaac tagaaaaggt tatgttcatt tttcaaaaag ggaagtaagc aaacaaatat 1828

tgccaactct tctatttatg gatcacacac atatcagcag gagtaataaa tttactcaca 1888

gcacttgttt tcaggacaac acttcatttt caggaaatct acttcctaca gagccaaaat 1948

gccatttagc aataaataac acttgtcagc ctcagagcat ttaaggaaac tagacaagta 2008

aaattatcct ctttgtaatt taatgaaaag gtacaacaga ataatgcatg atgaactcac 2068

ctaattatga ggtgggagga gcgaaatcta aatttctttt gctatagtta tacatcaatt 2128

taaaaagcaa aaaaaaaaaag gggggggcaa tctctctctg tgtctttctc tctctctctc 2188

cctctcctc tctcttttca tgtgtatcag tttccatgaa agacctgaat accacttacc 2248

tcaaattaag catatgtgtt acttcaagta atacgttttg acataagatg gttgaccaag 2308

gtgcttttct tcggcttgag ttcaccatct cttcattcaa actgcacttt tagccagaga 2368

tgcaatatat cccactact caatactacc tctgaatgtt acaacgaatt tacagtctag 2428

tacttattac atgctgctat acacaagcaa tgcaagaaaa aaacttactg ggtaggtgat 2488

tctaatactc tgcagttctt tttgtacact taattacagt taaagaagca atctccttac 2548

tgtgtttcag catgactatg tatttttcta tgttttttta attaaaaatt tttaaaatac 2608

特平 11-280976

tigtctcagc ttctctgcta gatttctaca ttaacttgaa aatttttta ccaagtcgct 2668
cctaggttct taaggataat ttctctcaat cacactiacac atcacacaag atttgactgt 2728
aatattttaa tattaccctc caagctctga ccicaaatga attctttaag gagatggact 2788
aatgacttg caaagacctc cctccagact tcaaaaggaa tgaacttgtt acttgacgca 2848
ttcatltgti ttitcaatgt ttgaaatgt tcaaacgtga gctaacctta gtcaaaacta 2908
tttttgtaa agacattga tagaaaggaa cacgttttta catacttttg caaaataagt 2968
aaataataaa taaaataaag ccaaccttca aagaacttga agctttgtag gtgagatgca 3028
acaagccctg cttttgcata atgcaatcaa aaatatgtgt tttaagatt agttgaatat 3088
aagaaaatgc ttgacaaata ttttcatgta ttttacacaa atgtgatgtt tgtaatatgt 3148
ctcaaccaga ttatttttaa acgttcttca tgtagagtgt ttatgccttt ctctcctagt 3208
gagtgtgctg actttttaac atggtattat caactgggcc aggaggtagt ttctcatgac 3268
ccagctgctt caggagggtt ttagtactga agccaaatga aactcaaac catctctctt 3328
tcactgttgt gaatcaccaa aggagctatg gagagaatta aaactcaaca ttactgttaa 3448
ctgtgcgtta aataagcaaa taaacagtgg ccataaaaa taaaagtcgc attccatctc 3508
tttgatggg ccttttagaa acctcattgg ccagctcata aaatggaagc aattgctcat 3568
gttgccaaa catgtgcac cgagtgtt ccatctctgg taaagttaca cttttatttc 3628
catactgaaa aaaaaagctt gtggccaatg gaacagtaag tcccagtata cctcattttt 3688
tatatagttt attttgttg gagataaatt ttataggact gttctttgct gttgttgctc 3808
gcagctacat aagactggac atttaacttc tctaccattt ctgcaagttt ggtatgtttg 3868
caggagaaaa gtatcaagac gtttaactgc agttgacttt ctccctgttc ctttgagtgt 3928
cttctaactt tattctttgt tctttatgta gaattgctgt ctatgatgtt actttgaatc 3988
gcttgcttgt tgaaaatatt tctctagtgt attatcactg tctgttctgc acaataaaca 4048
taacagccctc tgtgatccc

[0359]

<210> 34

<211> 109

<212> PRT

219

出証特 2000-3089932

Ala Met Thr Pro His Asp Phe Ile Glu His Phe Leu Ser Lys Met Pro	
155	160
165	
gag gcg gag gag aac aaa cag atc atc cgc aaa cac gcg cag acc ttc	702
Glu Ala Glu Glu Asn Lys Gln Ile Ile Arg Lys His Ala Gln Thr Phe	
170	175
180	185
gtt gcc ctc tgt gcc aca gat gtg aag ttc att tcc aat ccg ccc tcc	750
Val Ala Leu Cys Ala Thr Asp Val Lys Phe Ile Ser Asn Pro Pro Ser	
190	195
200	
atg gtg gca gcg ggg agc gtg gtg gcc gca gtg caa ggc ctg aac ctg	798
Met Val Ala Ala Gly Ser Val Val Ala Ala Val Gln Gly Leu Asn Leu	
205	210
215	
agg agc ccc aac aac ttc ctg tcc tac tac cgc ctc aca cgc ttc ctc	846
Arg Ser Pro Asn Asn Phe Leu Ser Tyr Tyr Arg Leu Thr Arg Phe Leu	
220	225
230	
tcc aga gtg atc aag tgt gac cca gac tgc ctc cgg gcc tgc cag gag	894
Ser Arg Val Ile Lys Cys Asp Pro Asp Cys Leu Arg Ala Cys Gln Glu	
235	240
245	
cag atc gaa gcc ctg ctg gag tca agc ctg cgc cag gcc cag cag aac	942
Gln Ile Glu Ala Leu Leu Glu Ser Ser Leu Arg Gln Ala Gln Gln Asn	
250	255
260	265
atg gac ccc aag gcc gcc gag gag gag gaa gag gag gag gag gag gtg	990
Met Asp Pro Lys Ala Ala Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Val	
270	275
280	
gac ctg gct tgc aca ccc acc gac gtg cgg gac gtg gac atc	1032
Asp Leu Ala Cys Thr Pro Thr Asp Val Arg Asp Val Asp Ile	
285	290
295	
tgagggcgcc aggcaggcgg gcgccaccgc caccgcgacg gagggcggag ccggccccag	1092
gtgctccact gacagtcctt cctctccgga gcattttgat accagaaggg aaagcttcat	1152
tctccttggtt gttggttggtt ttttcctttg ctctttcccc cttccatctc tgacttaage	1212

<213> Homo sapiens

<400> 34

```

Met Ser Ala Arg Gly Glu Gly Ala Gly Gln Pro Ser Thr Ser Ala Gln
  1             5             10             15
Gly Gln Pro Ala Ala Pro Ala Pro Gln Lys Arg Gly Arg Gly Arg Pro
             20             25             30
Arg Lys Gln Gln Gln Glu Pro Thr Gly Glu Pro Ser Pro Lys Arg Pro
             35             40             45
Arg Gly Arg Pro Lys Gly Ser Lys Asn Lys Ser Pro Ser Lys Ala Ala
             50             55             60
Gln Lys Lys Ala Glu Ala Thr Gly Glu Lys Arg Pro Arg Gly Arg Pro
             65             70             75             80
Arg Lys Trp Pro Gln Gln Val Val Gln Lys Lys Pro Ala Gln Glu Glu
             85             90             95
Thr Glu Glu Thr Ser Ser Gln Glu Ser Ala Glu Glu Asp
             100             105

```

【 0 3 6 0 】

<210> 35

<211> 4228

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (148)..(1032)

<400> 35

```

ggcgcagtag cagcgagcag cagagtccgc acgctccggc gaggggcaga agagcgcgag 60
ggagcgcggg gcagcagaag cgagagccga ggcgcggacc agccaggacc cacagccctc 120
cccagctgcc caggaagagc cccagcc atg gaa cac cag ctc ctg tgc tgc gaa 174
Met Glu His Gln Leu Leu Cys Cys Glu

```

	1	5	
gtg gaa acc atc cgc cgc gcg tac ccc gat gcc aac ctc ctc aac gac			222
Val Glu Thr Ile Arg Arg Ala Tyr Pro Asp Ala Asn Leu Leu Asn Asp			
10	15	20	25
cgg gtg ctg cgg gcc atg ctg aag gcg gag gag acc tgc gcg ccc tcg			270
Arg Val Leu Arg Ala Met Leu Lys Ala Glu Glu Thr Cys Ala Pro Ser			
30	35	40	
gtg tcc tac ttc aaa tgt gtg cag aag gag gtc ctg ccg tcc atg cgg			318
Val Ser Tyr Phe Lys Cys Val Gln Lys Glu Val Leu Pro Ser Met Arg			
45	50	55	
aag atc gtc gcc acc tgg atg ctg gag gtc tgc gag gaa cag aag tgc			366
Lys Ile Val Ala Thr Trp Met Leu Glu Val Cys Glu Glu Gln Lys Cys			
60	65	70	
gag gag gag gtc ttc ccg ctg gcc atg aac tac ctg gac cgc ttc ctg			414
Glu Glu Glu Val Phe Pro Leu Ala Met Asn Tyr Leu Asp Arg Phe Leu			
75	80	85	
tcg ctg gag ccc gtg aaa aag agc cgc ctg cag ctg ctg ggg gcc act			462
Ser Leu Glu Pro Val Lys Lys Ser Arg Leu Gln Leu Leu Gly Ala Thr			
90	95	100	105
tgc atg ttc gtg gcc tct aag atg aag gag acc atc ccc ctg acg gcc			510
Cys Met Phe Val Ala Ser Lys Met Lys Glu Thr Ile Pro Leu Thr Ala			
110	115	120	
gag aag ctg tgc atc tac acc gac aac tcc atc cgg ccc gag gag ctg			558
Glu Lys Leu Cys Ile Tyr Thr Asp Asn Ser Ile Arg Pro Glu Glu Leu			
125	130	135	
ctg caa atg gag ctg ctc ctg gtg aac aag ctc aag tgg aac ctg gcc			606
Leu Gln Met Glu Leu Leu Leu Val Asn Lys Leu Lys Trp Asn Leu Ala			
140	145	150	
gca atg acc ccg cac gat ttc att gaa cac ttc ctc tcc aaa atg cca			654

aaaagaaaaa gattacccaa aaactgtctt taaaagagag agagagaaaa aaaaaatagt 1272
 atttgcataa ccttgagcgg tgggggagga gggttgtgct acagatgata gaggatttta 1332
 taccccaata atcaactcgt ttttatatta atgtacttgt ttctctgttg taagaatagg 1392
 cattaacaca aaggaggcgt ctcgaggag gattaggttc catcctttac gtgttttaaa 1452
 aaaagcataa aaacatttta aaaacataga aaaattcagc aaaccatttt taaagtagaa 1512
 gagggtttta ggtagaaaaa catattcttg tgcttttctt gataaagcac agctgtagtg 1572
 gggttctagg catctctgta ctttgcttgc tcatatgcat gtagtcactt tataagtcac 1632
 tgtatgttat tatattccgt aggtagatgt gtaacctctt caccttattc atggctgaag 1692
 tcacctcttg gttacagtag cgtagcgtgg ccgtgtgcat gtcctttgcg cctgtgacca 1752
 ccacccaac aaaccatcca gtgacaaacc atccagtggg ggtttgtcgg gcaccagcca 1812
 gcgtagcagg gtcgggaaag gccacctgtc ccactcctac gatacgctac tataaagaga 1872
 agacgaaata gtgacataat atattctatt ttataactct tcctattttt gtagtgacct 1932
 gtttatgaga tgctggtttt ctacccaacg gccctgcagc cagctcacgt ccaggttcaa 1992
 cccacagcta cttggtttgt gttcttcttc atattctaaa accattccat ttccaagcac 2052
 tttcagtcca ataggtgtag gaaatagcgc tgtttttgtt gtgtgtgcag ggagggcagt 2112
 tttctaattg aatggtttg gaatatccat gtacttgttt gcaagcagga ctttgaggca 2172
 agtgtgggcc actgtggtgg cagtggagggt ggggtgtttg ggaggctgcg tgccagtcaa 2232
 gaagaaaaag gtttgcattc tcacattgcc aggatgataa gticctttcc ttttctttaa 2292
 agaagttgaa gtttaggaat ctttggttgc caactggtgt ttgaaagtag ggacctcaga 2352
 ggtttaccta gagaacaggt ggtttttaag ggttatctta gatgtttcac accggaaggt 2412
 ttttaaacac taaaatatat aatttatagt taaggctaaa aagtatattt attgcagagg 2472
 atgttcataa ggccagtatg atttataaat gcaatctccc cttgatttaa acacacagat 2532
 acacacacac acacacacac acacacaaac ctctgcctt tgatgttaca gatttaatac 2592
 agtttttttt taaagataga tcctttttata ggtgagaaaa aaacaatctg gaagaaaaaa 2652
 accacacaaa gacattgatt cagcctgttt ggcgtttccc agagtcactt gattggacag 2712
 gcatgggtgc aaggaaaatt aggttactca acctagttc ggttccgatg aattcttatt 2772
 cctgccccct tccttttaaa aacttagtga caaaatagac aatttcaca tcttggttat 2832
 gtaattcttg taatttttat ttaggaagtg ttgaaggag gtggcaagag tgtggaggct 2892
 gacgtgtgag ggaggacagg cgggaggagg tgtgaggagg aggcctccga ggggaagggg 2952

cgggtgcccac accgggggaca ggccgcagct ccattttctt attgcgctgc taccgttgac 3012
 ttccaggcac ggtttggaaa tattcacatc gcttctgtgt atctctttca cattgtttgc 3072
 tgctattgga ggatcagttt ttgtttttac aatgtcatat actgccatgt actagtttta 3132
 gttttctctt agaacattgt attacagatg ccttttttgt agtttttttt ttttttatgt 3192
 gatcaatttt gacttaatgt gattactgct ctattccaaa aaggttgctg tttcacaata 3252
 cctcatgctt cacttagcca tggtaggaccc agcggggcagg ttctgacctg tttggcgggc 3312
 agacacgcgg gcgcgatccc acacaggctg gcggggggccg gccccgaggc cgcgtgcgtg 3372
 agaaccgcgc cgggtgtcccc agagaccagg ctgtgtccct cttctcttcc ctgcgcctgt 3432
 gatgctgggc acttcatctg atcggggggcg tagcatcata gtagttttta cagctgtgtt 3492
 atwctttgcg tgtagctatg gaagttgcat aattattatt attattatta taacaagtgt 3552
 gtcttacgtg ccaccacggc gttgtacctg taggactctc attcgggatg attggaatag 3612
 cttctggaat ttgttcaagt ttgggtatg tttaatctgt tatgtactag tgttctgttt 3672
 gttattgttt tgtttaattac accataatgc taatttaaag agactccaaa tctcaatgaa 3732
 gccagctcac agtgctgtgt gccccggtca cctagcaagc tgccgaacca aaagaatttg 3792
 caccgcgctg cgggcccacg tggttggggc cctgccctgg cagggtcatc ctgtgctcgg 3852
 aggccatctc gggcacaggc ccaccccgcc ccacccctcc agaacacggc tcacgcttac 3912
 ctcaaccatc ctggctgcgg cgtctgtctg aaccacgcgg gggccttgag ggacgctttg 3972
 tctgtcgtga tggggcaagg gcacaagtcc tggatgttgt gtgtrtcgag aggccaaagg 4032
 ctggtggcaa gtgcacgggg cacagcggag tctgtcctgt gacgcgcaag tctgagggtc 4092
 tgggcggcgg gcggctgggt ctgtgcattt ctggttgac cgcggcgctt cccagcacca 4152
 acatgtaacc ggcatgtttc cagcagaaga caaaaagaca aacatgaaag tctagaaata 4212
 aaactggtaa aacccc 4228

【 0 3 6 1 】

<210> 36

<211> 295

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 36

Met Glu His Gln Leu Leu Cys Cys Glu Val Glu Thr Ile Arg Arg Ala

1	5	10	15
Tyr Pro Asp Ala Asn Leu Leu Asn Asp Arg Val Leu Arg Ala Met Leu			
20	25	30	
Lys Ala Glu Glu Thr Cys Ala Pro Ser Val Ser Tyr Phe Lys Cys Val			
35	40	45	
Gln Lys Glu Val Leu Pro Ser Met Arg Lys Ile Val Ala Thr Trp Met			
50	55	60	
Leu Glu Val Cys Glu Glu Gln Lys Cys Glu Glu Glu Val Phe Pro Leu			
65	70	75	80
Ala Met Asn Tyr Leu Asp Arg Phe Leu Ser Leu Glu Pro Val Lys Lys			
85	90	95	
Ser Arg Leu Gln Leu Leu Gly Ala Thr Cys Met Phe Val Ala Ser Lys			
100	105	110	
Met Lys Glu Thr Ile Pro Leu Thr Ala Glu Lys Leu Cys Ile Tyr Thr			
115	120	125	
Asp Asn Ser Ile Arg Pro Glu Glu Leu Leu Gln Met Glu Leu Leu Leu			
130	135	140	
Val Asn Lys Leu Lys Trp Asn Leu Ala Ala Met Thr Pro His Asp Phe			
145	150	155	160
Ile Glu His Phe Leu Ser Lys Met Pro Glu Ala Glu Glu Asn Lys Gln			
165	170	175	
Ile Ile Arg Lys His Ala Gln Thr Phe Val Ala Leu Cys Ala Thr Asp			
180	185	190	
Val Lys Phe Ile Ser Asn Pro Pro Ser Met Val Ala Ala Gly Ser Val			
195	200	205	
Val Ala Ala Val Gln Gly Leu Asn Leu Arg Ser Pro Asn Asn Phe Leu			
210	215	220	
Ser Tyr Tyr Arg Leu Thr Arg Phe Leu Ser Arg Val Ile Lys Cys Asp			
225	230	235	240

Pro Asp Cys Leu Arg Ala Cys Gln Glu Gln Ile Glu Ala Leu Leu Glu

245

250

255

Ser Ser Leu Arg Gln Ala Gln Gln Asn Met Asp Pro Lys Ala Ala Glu

260

265

270

Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Glu Val Asp Leu Ala Cys Thr Pro Thr

275

280

285

Asp Val Arg Asp Val Asp Ile

290

295

【 0 3 6 2 】

<210> 37

<211> 5007

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (436)..(3402)

<400> 37

ggggcgcccg cgggccggag ccggggcggg ggccggggcc taggcgcgcg gacctgcgag 60
cggacccgag aggcggcggc ggcgcagcgg aacggcagag cgggccggag gcggccgagg 120
cgcccggcgc aggcacccgt gcctcccctc tgccaggaac cttggggcct tgtgtgtgac 180
caggacctgg tggcccccg gcggtggcag agcccctgtc ccaagctgct tcctgccggc 240
acctctgac aagtgcctag agggatgtgt gtgccagccc tcggtccagt gcccgctcct 300
gagctgactc ctgctgggcc ccgacagctt gccgtgtttc ctgtgcctgt agctccctgg 360
ttggatagct gccgcccggg agaggtgacc cgggcgccct gctagggatga aggcccctgc 420
ccctcgcccg ggatc atg aaa ggc ctc ggt gac agc cgc ccc cgc cac etc 471

Met Lys Gly Leu Gly Asp Ser Arg Pro Arg His Leu

1

5

10

tcc gac agc cta gac cca ccc cac gag ccc ctg ttt gca ggg acc gac 519

Ser Asp Ser Leu Asp Pro Pro His Glu Pro Leu Phe Ala Gly Thr Asp

15	20	25	
cgC aac ccc tac ctg ctg tcg ccc acg gag gcc ttc gcc cgc gag gcc	567		
Arg Asn Pro Tyr Leu Leu Ser Pro Thr Glu Ala Phe Ala Arg Glu Ala			
30	35	40	
cgC ttc ccc ggg cag aac acc ctg cca gga gat gcc ctC ttt ccc ctC	615		
Arg Phe Pro Gly Gln Asn Thr Leu Pro Gly Asp Gly Leu Phe Pro Leu			
45	50	55	60
aac aac cag ctg ccc ccg ccc agc agc acc ttt ccc cgc atC cac tac	663		
Asn Asn Gln Leu Pro Pro Pro Ser Ser Thr Phe Pro Arg Ile His Tyr			
65	70	75	
aac tcc cac ttc gag gtg cca gag gag agc ccc ttc ccc agc cat gcc	711		
Asn Ser His Phe Glu Val Pro Glu Glu Ser Pro Phe Pro Ser His Ala			
80	85	90	
caa gcc acc aag atC aac cgg ctg ccc gcc aac ctC ctg gac cag ttt	759		
Gln Ala Thr Lys Ile Asn Arg Leu Pro Ala Asn Leu Leu Asp Gln Phe			
95	100	105	
gag aag cag ctg ccc atC cac cgt gat gcc ttc agc acc ctC caa ttt	807		
Glu Lys Gln Leu Pro Ile His Arg Asp Gly Phe Ser Thr Leu Gln Phe			
110	115	120	
ccc cgt gcc gag gcc aag gcc cgt ggt gag agc cct gcc cgc atC cgc	855		
Pro Arg Gly Glu Ala Lys Ala Arg Gly Glu Ser Pro Gly Arg Ile Arg			
125	130	135	140
cac ctg gtc cac tca gtc cag cgg ctC ttc ttc acc aag gca ccc tca	903		
His Leu Val His Ser Val Gln Arg Leu Phe Phe Thr Lys Ala Pro Ser			
145	150	155	
ctg gag gcc aca gcg gcc aag gtc ggt gcc aat gcc agc aag aag ggt	951		
Leu Glu Gly Thr Ala Gly Lys Val Gly Gly Asn Gly Ser Lys Lys Gly			
160	165	170	
ggc atg gag gac gcc aag gcc cgg agg gcc aaa agc aag gag cgg gcc	999		

Gly Met Glu Asp Gly Lys Gly Arg Arg Ala Lys Ser Lys Glu Arg Ala	
175	180
aag gct ggg gag ccc aaa cgg cgc agc cgc tcc aac atc tca ggc tgg	1047
Lys Ala Gly Glu Pro Lys Arg Arg Ser Arg Ser Asn Ile Ser Gly Trp	
190	200
tgg agc tcc gat gac aac ttg gac ggc gag gcc ggc gcc ttc cgc agc	1095
Trp Ser Ser Asp Asp Asn Leu Asp Gly Glu Ala Gly Ala Phe Arg Ser	
205	210
agt ggc cca gcc tct ggg ctg atg ata cta ggc cgc cag gca gaa cgc	1143
Ser Gly Pro Ala Ser Gly Leu Met Ile Leu Gly Arg Gln Ala Glu Arg	
225	230
agc cag cca cgc tac ttc atg cac gcc tac aac acc atc agt ggg cac	1191
Ser Gln Pro Arg Tyr Phe Met His Ala Tyr Asn Thr Ile Ser Gly His	
240	250
atg ctc aaa acc acc aag aac aac act act gag ctg act gcc cca cca	1239
Met Leu Lys Thr Thr Lys Asn Asn Thr Thr Glu Leu Thr Ala Pro Pro	
255	265
ccc ccg ccc gca ccc cca gcc acc tgc ccc agc ctt ggg gtg ggc act	1287
Pro Pro Pro Ala Pro Pro Ala Thr Cys Pro Ser Leu Gly Val Gly Thr	
270	280
gac acc aac tac gtc aaa cgg ggc tcc tgg tcc act ctg acc ctc agc	1335
Asp Thr Asn Tyr Val Lys Arg Gly Ser Trp Ser Thr Leu Thr Leu Ser	
285	290
cac gcc cac gag gtc tgc cag aag acc tca gcc acc ttg gat aag agc	1383
His Ala His Glu Val Cys Gln Lys Thr Ser Ala Thr Leu Asp Lys Ser	
305	310
ctg ctc aag tcc aaa tcc tgc cac cag ggt cta gcc tac cat tac ctg	1431
Leu Leu Lys Ser Lys Ser Cys His Gln Gly Leu Ala Tyr His Tyr Leu	
320	330

cag gtg ccc ggc ggc ggc ggc gag tgg agc acc acg ctg ctg tcc cca	1479
Gln Val Pro Gly Gly Gly Gly Glu Trp Ser Thr Thr Leu Leu Ser Pro	
335 340 345	
cgc gag acg gat gcc gcg gcc gag ggc cct atc ccg tgc cgg cgc atg	1527
Arg Glu Thr Asp Ala Ala Ala Glu Gly Pro Ile Pro Cys Arg Arg Met	
350 355 360	
cgc agc ggc agc tac atc aag gcc atg ggc gac gag gac agc gac gag	1575
Arg Ser Gly Ser Tyr Ile Lys Ala Met Gly Asp Glu Asp Ser Asp Glu	
365 370 375 380	
tcc ggc ggc agc ccc aag ccc tca ccc aag acc gcg gcg cgg cgc cag	1623
Ser Gly Gly Ser Pro Lys Pro Ser Pro Lys Thr Ala Ala Arg Arg Gln	
385 390 395	
agc tat ctg agg gcc acg cag cag tcg ctg gga gag cag agc aac ccc	1671
Ser Tyr Leu Arg Ala Thr Gln Gln Ser Leu Gly Glu Gln Ser Asn Pro	
400 405 410	
cgc agg agt ctg gac cgc ctg gat tca gtg gac atg ctg ctg ccc tcc	1719
Arg Arg Ser Leu Asp Arg Leu Asp Ser Val Asp Met Leu Leu Pro Ser	
415 420 425	
aag tgt ccg agc tgg gaa gag gac tac acc ccc gtc agc gac agc ctc	1767
Lys Cys Pro Ser Trp Glu Glu Asp Tyr Thr Pro Val Ser Asp Ser Leu	
430 435 440	
aac gac tcc agc tgc atc agc cag att ttt gga cag gcc tcc ctg atc	1815
Asn Asp Ser Ser Cys Ile Ser Gln Ile Phe Gly Gln Ala Ser Leu Ile	
445 450 455 460	
ccc cag ttg ttt ggc cat gag cag cag gta cgg gag gca gag ctg agt	1863
Pro Gln Leu Phe Gly His Glu Gln Gln Val Arg Glu Ala Glu Leu Ser	
465 470 475	
gac cag tat gag gcg gcc tgc gag tca gcc tgc agt gaa gcg gag tcc	1911
Asp Gln Tyr Glu Ala Ala Cys Glu Ser Ala Cys Ser Glu Ala Glu Ser	

480	485	490	
aca gcg gca gag acg ctt gac ttg cca ctg ccc agc tac ttc cgc tcc			1959
Thr Ala Ala Glu Thr Leu Asp Leu Pro Leu Pro Ser Tyr Phe Arg Ser			
495	500	505	
cgc agc cac agc tac ctg cgt gcc atc cag gca ggc tgc tcg cag gag			2007
Arg Ser His Ser Tyr Leu Arg Ala Ile Gln Ala Gly Cys Ser Gln Glu			
510	515	520	
gag gac agt gtc tcc ctg cag tcc ctc tcc cca ccg ccc agt acc ggc			2055
Glu Asp Ser Val Ser Leu Gln Ser Leu Ser Pro Pro Pro Ser Thr Gly			
525	530	535	540
agc ctc agc aat agt cgc acg ctt ccg agt tca tca tgc cta gtg gcg			2103
Ser Leu Ser Asn Ser Arg Thr Leu Pro Ser Ser Ser Cys Leu Val Ala			
545	550	555	
tat aag aag acc ccg cca ccg gtc cct cca cgc acc act tca aag ccg			2151
Tyr Lys Lys Thr Pro Pro Pro Val Pro Pro Arg Thr Thr Ser Lys Pro			
560	565	570	
ttc atc tca gtc aca gtc cag agc agt act gag tct gcc cag gac acc			2199
Phe Ile Ser Val Thr Val Gln Ser Ser Thr Glu Ser Ala Gln Asp Thr			
575	580	585	
tac ctg gac agc cag gac cac aag agc gag gtg act agc cag tcg ggc			2247
Tyr Leu Asp Ser Gln Asp His Lys Ser Glu Val Thr Ser Gln Ser Gly			
590	595	600	
ctg agc aac tcg tcg gac agc ctg gac agc agt acc cga ccg ccc agc			2295
Leu Ser Asn Ser Ser Asp Ser Leu Asp Ser Ser Thr Arg Pro Pro Ser			
605	610	615	620
gtg aca cgg ggt gga gtc gcc cca gcc cct gag gcc cca gag cca ccc			2343
Val Thr Arg Gly Gly Val Ala Pro Ala Pro Glu Ala Pro Glu Pro Pro			
625	630	635	
cca aaa cat gca gct ctg aaa agt gaa caa ggg acg ctg acc agc tct			2391

Pro Lys His Ala Ala Leu Lys Ser Glu Gln Gly Thr Leu Thr Ser Ser	
640	645
gag tcc cac ccc gag gcc gcc ccc aaa agg aaa ctg tca tcg ata gga	2439
Glu Ser His Pro Glu Ala Ala Pro Lys Arg Lys Leu Ser Ser Ile Gly	
655	660
ata caa gag agg act aga agg aac ggt tcc cac ctc tcg gag gac aac	2487
Ile Gln Glu Arg Thr Arg Arg Asn Gly Ser His Leu Ser Glu Asp Asn	
670	675
gga ccc aaa gcg atc gat gtg atg gca ccc tcc tca gaa agc agc gtc	2535
Gly Pro Lys Ala Ile Asp Val Met Ala Pro Ser Ser Glu Ser Ser Val	
685	690
ccc tct cac agt atg tcc tcc cga cgg gac aca gac tcg gat acc cag	2583
Pro Ser His Ser Met Ser Ser Arg Arg Asp Thr Asp Ser Asp Thr Gln	
705	710
gat gcc aat gac tca agc tgt aag tca tct gag agg agc ctc ccg gac	2631
Asp Ala Asn Asp Ser Ser Cys Lys Ser Ser Glu Arg Ser Leu Pro Asp	
720	725
tgt acc cct cac ccc aac tcc atc agc atc gat gcc ggt ccc cgg cag	2679
Cys Thr Pro His Pro Asn Ser Ile Ser Ile Asp Ala Gly Pro Arg Gln	
735	740
gcc ccc aag att gcc cag atc aag cgc aac ctc tcc tat gga gac aac	2727
Ala Pro Lys Ile Ala Gln Ile Lys Arg Asn Leu Ser Tyr Gly Asp Asn	
750	755
agc gac cct gcc cta gag gcg tcc tcg ctg ccc cca ccc gac ccc tgg	2775
Ser Asp Pro Ala Leu Glu Ala Ser Ser Leu Pro Pro Pro Asp Pro Trp	
765	770
ctc gag acc tcc tcc agc tcc cca gca gag ccg gca cag cca ggg gcc	2823
Leu Glu Thr Ser Ser Ser Ser Pro Ala Glu Pro Ala Gln Pro Gly Ala	
785	790
	795

tgc cgc cga gac ggc tac tgg ttc cta aag cta ctg cag gca gaa aca	2871
Cys Arg Arg Asp Gly Tyr Trp Phe Leu Lys Leu Leu Gln Ala Glu Thr	
800 805 810	
gag cgg ctg gaa ggc tgg tgc tgc cag atg gac aag gag acc aaa gag	2919
Glu Arg Leu Glu Gly Trp Cys Cys Gln Met Asp Lys Glu Thr Lys Glu	
815 820 825	
aac aac ctc tct gaa gaa gtc tta gga aaa gtc ctc agt gct gtg ggc	2967
Asn Asn Leu Ser Glu Glu Val Leu Gly Lys Val Leu Ser Ala Val Gly	
830 835 840	
agt gcc cag cta ctg atg tcc cag aaa ttc cag cag ttc cgg ggc ctc	3015
Ser Ala Gln Leu Leu Met Ser Gln Lys Phe Gln Gln Phe Arg Gly Leu	
845 850 855 860	
tgt gag caa aac ttg aac cct gat gcc aac cca cgc ccc aca gcc cag	3063
Cys Glu Gln Asn Leu Asn Pro Asp Ala Asn Pro Arg Pro Thr Ala Gln	
865 870 875	
gac ctg gca ggg ttc tgg gac ctg cta cag ctg tcc atc gag gat atc	3111
Asp Leu Ala Gly Phe Trp Asp Leu Leu Gln Leu Ser Ile Glu Asp Ile	
880 885 890	
agc atg aag ttc gat gaa ctc tac cac ctc aag gcc aac agc tgg cag	3159
Ser Met Lys Phe Asp Glu Leu Tyr His Leu Lys Ala Asn Ser Trp Gln	
895 900 905	
ctg gtg gag acc ccc gag aag agg aag gaa gag aag aaa cca ccc cct	3207
Leu Val Glu Thr Pro Glu Lys Arg Lys Glu Glu Lys Lys Pro Pro Pro	
910 915 920	
ccg gtc cca aag aag cca gcc aaa tcc aag ccg gca gtg agc cgc gac	3255
Pro Val Pro Lys Lys Pro Ala Lys Ser Lys Pro Ala Val Ser Arg Asp	
925 930 935 940	
aag gcc tca gac gcc agc gac aag cag cgc cag gag gcc cgc aag aga	3303
Lys Ala Ser Asp Ala Ser Asp Lys Gln Arg Gln Glu Ala Arg Lys Arg	

945	950	955	
ctc ctg gcg gcc aag cgg gca gct tct gtg cgg cag aac tca gcc acc			3351
Leu Leu Ala Ala Lys Arg Ala Ala Ser Val Arg Gln Asn Ser Ala Thr			
960	965	970	
gag agc gca gac agc atc gag att tat gtc ccg gag gcc cag acc agg			3399
Glu Ser Ala Asp Ser Ile Glu Ile Tyr Val Pro Glu Ala Gln Thr Arg			
975	980	985	
ctc tgagaccatg caggaggaaa gaaacgattt taaatcatta aaaacacaaa			3452
Leu			
aactaagtgc gaacggaaca gagttttctc aacctttgct atggttattc tgtctagaga			3512
ccctgagcca actttcaaat tgacgcatac aagggtcac aatttggtt ttttgggtcc			3572
ctcccagctt taggttatga agattttact cacaaaaaaa atcaacaaaa atcacgaaac			3632
tagaaaactt tttttttcct cttgctggcc gtggtggact agatagatgg acgtcggcaa			3692
ctcccggccc agcctccata ctgcggtctt ttactcgtt ctatctgatg agaactcaca			3752
ctagcttggt tacaagatga cgacagtcca agggcagcct tgggcacctg ccatgtccct			3812
cctttcccca gctatccccg ctctgacctt gattttcatt cttatgtttt tctcttttcc			3872
cttcagagct cacacagtgg tcaccattgt ggcaagcggc tttctgggtc tcagccctct			3932
ctgcggttga gggcccagag gacagagaga tggacatgcg tccccctcct cccccgcca			3992
agtgttcaca cacaacctca cgcgcacaca cacacacgca gatggaggcg cctcactggg			4052
aggtgccccg ccagccctgg gcagtgtcag gcaggactca ctcaccgctg agcagatgag			4112
agaagtttta gtcttggcgg gtggaaatga gacgaagcca cagttatcac actccagact			4172
cctgcccttt tattttctcc agccccctct tccttcagca aaatctagga ctcccagatg			4232
gcttccaggg ggccgtcagt cctcagccgc gcctgtgtcc ggtgcccagag gggcgggcgg			4292
cgggtgtctgt atgtatgtgt acatatgcac atagacctta gagtgtatag ttaacaaacg			4352
cccatctgct caccatgcc caccagcgc cgccgccgct ggctctcggg gcacctggca			4412
ggaggcgggt gtgtgaatag catatatattt tacatgtact atatctaggt gtgtgtacaa			4472
gtgtgtgtaa aaatatatac cttgtgtgta agcagccctt ttttttttg gtctccacc			4532
ccctcccccc gcccgcact cctaagggcc catctgcccc gcctctgagt tttctgttct			4592
attttttttt taaccccaat tatecttctc tctctctgc ccccgcatcc cactcccagg			4652

gtgtcacgag ccctgagctg caatggcccc ggcctgcagg gcggggtagg ggagggcagg 4712
 ggctcagccc cgaagccagc tcagtacctg aggggctgct ctatgctgtg tatgcgcctc 4772
 tctggcatcc gagacatcct cttggctggc gcttgctgca ggggggaccc ccccccgtc 4832
 cccaggtgaa ccaaggggtct gctccggggc ccatttccag cttggccgcc gtctgtgacc 4892
 ttgggcaagt cacttgacct ctgtgtgcct caacttcctc ctctgtaaaa cggggacagt 4952
 ccccgccctt ccctacctca caggcatgtt gtgagaataa atgaggtaac gtgta 5007

【 0 3 6 3 】

<210> 38

<211> 989

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 38

Met Lys Gly Leu Gly Asp Ser Arg Pro Arg His Leu Ser Asp Ser Leu
 1 5 10 15
 Asp Pro Pro His Glu Pro Leu Phe Ala Gly Thr Asp Arg Asn Pro Tyr
 20 25 30
 Leu Leu Ser Pro Thr Glu Ala Phe Ala Arg Glu Ala Arg Phe Pro Gly
 35 40 45
 Gln Asn Thr Leu Pro Gly Asp Gly Leu Phe Pro Leu Asn Asn Gln Leu
 50 55 60
 Pro Pro Pro Ser Ser Thr Phe Pro Arg Ile His Tyr Asn Ser His Phe
 65 70 75 80
 Glu Val Pro Glu Glu Ser Pro Phe Pro Ser His Ala Gln Ala Thr Lys
 85 90 95
 Ile Asn Arg Leu Pro Ala Asn Leu Leu Asp Gln Phe Glu Lys Gln Leu
 100 105 110
 Pro Ile His Arg Asp Gly Phe Ser Thr Leu Gln Phe Pro Arg Gly Glu
 115 120 125
 Ala Lys Ala Arg Gly Glu Ser Pro Gly Arg Ile Arg His Leu Val His

130	135	140	
Ser Val Gln Arg Leu Phe Phe Thr Lys Ala Pro Ser Leu Glu Gly Thr			
145	150	155	160
Ala Gly Lys Val Gly Gly Asn Gly Ser Lys Lys Gly Gly Met Glu Asp			
165	170	175	
Gly Lys Gly Arg Arg Ala Lys Ser Lys Glu Arg Ala Lys Ala Gly Glu			
180	185	190	
Pro Lys Arg Arg Ser Arg Ser Asn Ile Ser Gly Trp Trp Ser Ser Asp			
195	200	205	
Asp Asn Leu Asp Gly Glu Ala Gly Ala Phe Arg Ser Ser Gly Pro Ala			
210	215	220	
Ser Gly Leu Met Ile Leu Gly Arg Gln Ala Glu Arg Ser Gln Pro Arg			
225	230	235	240
Tyr Phe Met His Ala Tyr Asn Thr Ile Ser Gly His Met Leu Lys Thr			
245	250	255	
Thr Lys Asn Asn Thr Thr Glu Leu Thr Ala Pro Pro Pro Pro Pro Ala			
260	265	270	
Pro Pro Ala Thr Cys Pro Ser Leu Gly Val Gly Thr Asp Thr Asn Tyr			
275	280	285	
Val Lys Arg Gly Ser Trp Ser Thr Leu Thr Leu Ser His Ala His Glu			
290	295	300	
Val Cys Gln Lys Thr Ser Ala Thr Leu Asp Lys Ser Leu Leu Lys Ser			
305	310	315	320
Lys Ser Cys His Gln Gly Leu Ala Tyr His Tyr Leu Gln Val Pro Gly			
325	330	335	
Gly Gly Gly Glu Trp Ser Thr Thr Leu Leu Ser Pro Arg Glu Thr Asp			
340	345	350	
Ala Ala Ala Glu Gly Pro Ile Pro Cys Arg Arg Met Arg Ser Gly Ser			
355	360	365	

Tyr Ile Lys Ala Met Gly Asp Glu Asp Ser Asp Glu Ser Gly Gly Ser
 370 375 380
 Pro Lys Pro Ser Pro Lys Thr Ala Ala Arg Arg Gln Ser Tyr Leu Arg
 385 390 395 400
 Ala Thr Gln Gln Ser Leu Gly Glu Gln Ser Asn Pro Arg Arg Ser Leu
 405 410 415
 Asp Arg Leu Asp Ser Val Asp Met Leu Leu Pro Ser Lys Cys Pro Ser
 420 425 430
 Trp Glu Glu Asp Tyr Thr Pro Val Ser Asp Ser Leu Asn Asp Ser Ser
 435 440 445
 Cys Ile Ser Gln Ile Phe Gly Gln Ala Ser Leu Ile Pro Gln Leu Phe
 450 455 460
 Gly His Glu Gln Gln Val Arg Glu Ala Glu Leu Ser Asp Gln Tyr Glu
 465 470 475 480
 Ala Ala Cys Glu Ser Ala Cys Ser Glu Ala Glu Ser Thr Ala Ala Glu
 485 490 495
 Thr Leu Asp Leu Pro Leu Pro Ser Tyr Phe Arg Ser Arg Ser His Ser
 500 505 510
 Tyr Leu Arg Ala Ile Gln Ala Gly Cys Ser Gln Glu Glu Asp Ser Val
 515 520 525
 Ser Leu Gln Ser Leu Ser Pro Pro Pro Ser Thr Gly Ser Leu Ser Asn
 530 535 540
 Ser Arg Thr Leu Pro Ser Ser Ser Cys Leu Val Ala Tyr Lys Lys Thr
 545 550 555 560
 Pro Pro Pro Val Pro Pro Arg Thr Thr Ser Lys Pro Phe Ile Ser Val
 565 570 575
 Thr Val Gln Ser Ser Thr Glu Ser Ala Gln Asp Thr Tyr Leu Asp Ser
 580 585 590
 Gln Asp His Lys Ser Glu Val Thr Ser Gln Ser Gly Leu Ser Asn Ser

595	600	605
Ser Asp Ser Leu Asp Ser Ser Thr Arg Pro Pro Ser Val Thr Arg Gly		
610	615	620
Gly Val Ala Pro Ala Pro Glu Ala Pro Glu Pro Pro Pro Lys His Ala		
625	630	635
Ala Leu Lys Ser Glu Gln Gly Thr Leu Thr Ser Ser Glu Ser His Pro		
645	650	655
Glu Ala Ala Pro Lys Arg Lys Leu Ser Ser Ile Gly Ile Gln Glu Arg		
660	665	670
Thr Arg Arg Asn Gly Ser His Leu Ser Glu Asp Asn Gly Pro Lys Ala		
675	680	685
Ile Asp Val Met Ala Pro Ser Ser Glu Ser Ser Val Pro Ser His Ser		
690	695	700
Met Ser Ser Arg Arg Asp Thr Asp Ser Asp Thr Gln Asp Ala Asn Asp		
705	710	715
Ser Ser Cys Lys Ser Ser Glu Arg Ser Leu Pro Asp Cys Thr Pro His		
725	730	735
Pro Asn Ser Ile Ser Ile Asp Ala Gly Pro Arg Gln Ala Pro Lys Ile		
740	745	750
Ala Gln Ile Lys Arg Asn Leu Ser Tyr Gly Asp Asn Ser Asp Pro Ala		
755	760	765
Leu Glu Ala Ser Ser Leu Pro Pro Pro Asp Pro Trp Leu Glu Thr Ser		
770	775	780
Ser Ser Ser Pro Ala Glu Pro Ala Gln Pro Gly Ala Cys Arg Arg Asp		
785	790	795
Gly Tyr Trp Phe Leu Lys Leu Leu Gln Ala Glu Thr Glu Arg Leu Glu		
805	810	815
Gly Trp Cys Cys Gln Met Asp Lys Glu Thr Lys Glu Asn Asn Leu Ser		
820	825	830

Glu Glu Val Leu Gly Lys Val Leu Ser Ala Val Gly Ser Ala Gln Leu
 835 840 845
 Leu Met Ser Gln Lys Phe Gln Gln Phe Arg Gly Leu Cys Glu Gln Asn
 850 855 860
 Leu Asn Pro Asp Ala Asn Pro Arg Pro Thr Ala Gln Asp Leu Ala Gly
 865 870 875 880
 Phe Trp Asp Leu Leu Gln Leu Ser Ile Glu Asp Ile Ser Met Lys Phe
 885 890 895
 Asp Glu Leu Tyr His Leu Lys Ala Asn Ser Trp Gln Leu Val Glu Thr
 900 905 910
 Pro Glu Lys Arg Lys Glu Glu Lys Lys Pro Pro Pro Pro Val Pro Lys
 915 920 925
 Lys Pro Ala Lys Ser Lys Pro Ala Val Ser Arg Asp Lys Ala Ser Asp
 930 935 940
 Ala Ser Asp Lys Gln Arg Gln Glu Ala Arg Lys Arg Leu Leu Ala Ala
 945 950 955 960
 Lys Arg Ala Ala Ser Val Arg Gln Asn Ser Ala Thr Glu Ser Ala Asp
 965 970 975
 Ser Ile Glu Ile Tyr Val Pro Glu Ala Gln Thr Arg Leu
 980 985

【 0 3 6 4 】

<210> 39

<211> 2522

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(1545)

<400> 39

act gct ctc agt gag aag cgc acg ctg gag ggc gag ctg cat gat ctg	48
Thr Ala Leu Ser Glu Lys Arg Thr Leu Glu Gly Glu Leu His Asp Leu	
1 5 10 15	
cgg ggc cag gtg gcc aag ctt gag gca gcc cta ggt gag gcc aag aag	96
Arg Gly Gln Val Ala Lys Leu Glu Ala Ala Leu Gly Glu Ala Lys Lys	
20 25 30	
caa ctt cag gat gag atg ctg cgg cgg gtg gat gct gag aac agg ctg	144
Gln Leu Gln Asp Glu Met Leu Arg Arg Val Asp Ala Glu Asn Arg Leu	
35 40 45	
cag acc atg aag gag gaa ctg gac ttc cag aag aac atc tac agt gag	192
Gln Thr Met Lys Glu Glu Leu Asp Phe Gln Lys Asn Ile Tyr Ser Glu	
50 55 60	
gag ctg cgt gag acc aag cgc cgt cat gag acc cga ctg gtg gag att	240
Glu Leu Arg Glu Thr Lys Arg Arg His Glu Thr Arg Leu Val Glu Ile	
65 70 75 80	
gac aat ggg aag cag cgt gag ttt gag agc cgg ctg gcg gat gcg ctg	288
Asp Asn Gly Lys Gln Arg Glu Phe Glu Ser Arg Leu Ala Asp Ala Leu	
85 90 95	
cag gaa ctg cgg gcc cag cat gag gac cag gtg gag cag tat aag aag	336
Gln Glu Leu Arg Ala Gln His Glu Asp Gln Val Glu Gln Tyr Lys Lys	
100 105 110	
gag ctg gag aag act tat tct gcc aag ctg gac aat gcc agg cag tct	384
Glu Leu Glu Lys Thr Tyr Ser Ala Lys Leu Asp Asn Ala Arg Gln Ser	
115 120 125	
gct gag agg aac agc aac ctg gtg ggg gct gcc cac gag gag ctg cag	432
Ala Glu Arg Asn Ser Asn Leu Val Gly Ala Ala His Glu Glu Leu Gln	
130 135 140	
cag tcg cgc atc cgc atc gac agc ctc tct gcc cag ctc agc cag ctc	480
Gln Ser Arg Ile Arg Ile Asp Ser Leu Ser Ala Gln Leu Ser Gln Leu	

145	150	155	160	
cag aag cag ctg gca gcc aag gag gcg aag ctt cga gac ctg gag gac	528			
Gln Lys Gln Leu Ala Ala Lys Glu Ala Lys Leu Arg Asp Leu Glu Asp				
165	170	175		
tca ctg gcc cgt gag cgg gac acc agc cgg cgg ctg ctg gcg gaa aag	576			
Ser Leu Ala Arg Glu Arg Asp Thr Ser Arg Arg Leu Leu Ala Glu Lys				
180	185	190		
gag cgg gag atg gcc gag atg cgg gca agg atg cag cag cag ctg gac	624			
Glu Arg Glu Met Ala Glu Met Arg Ala Arg Met Gln Gln Gln Leu Asp				
195	200	205		
gag tac cag gag ctt ctg gac atc aag ctg gcc ctg gac atg gag atc	672			
Glu Tyr Gln Glu Leu Leu Asp Ile Lys Leu Ala Leu Asp Met Glu Ile				
210	215	220		
cac gcc tac cgc aag ctc ttg gag ggc gag gag gag agg cta cgc ctg	720			
His Ala Tyr Arg Lys Leu Leu Glu Gly Glu Glu Glu Arg Leu Arg Leu				
225	230	235	240	
tcc ccc agc cct acc tcg cag cgc agc cgt ggc cgt gct tcc tct cac	768			
Ser Pro Ser Pro Thr Ser Gln Arg Ser Arg Gly Arg Ala Ser Ser His				
245	250	255		
tca tcc cag aca cag ggt ggg ggc agc gtc acc aaa aag cgc aaa ctg	816			
Ser Ser Gln Thr Gln Gly Gly Gly Ser Val Thr Lys Lys Arg Lys Leu				
260	265	270		
gag tcc act gag agc cgc agc agc ttc tca cag cac gca cgc act agc	864			
Glu Ser Thr Glu Ser Arg Ser Ser Phe Ser Gln His Ala Arg Thr Ser				
275	280	285		
ggg cgc gtg gcc gtg gag gag gtg gat gag gag ggc aag ttt gtc cgg	912			
Gly Arg Val Ala Val Glu Glu Val Asp Glu Glu Gly Lys Phe Val Arg				
290	295	300		
ctg cgc aac aag tcc aat gag gac cag tcc atg ggc aat tgg cag atc	960			

Leu Arg Asn Lys Ser Asn Glu Asp Gln Ser Met Gly Asn Trp Gln Ile
 305 310 315 320
 aag cgc cag aat gga gat gat ccc ttg ctg act tac cgg ttc cca cca 1008
 Lys Arg Gln Asn Gly Asp Asp Pro Leu Leu Thr Tyr Arg Phe Pro Pro
 325 330 335
 aag ttc acc ctg aag gct ggg cag gtg gtg acg atc tgg gct gca gga 1056
 Lys Phe Thr Leu Lys Ala Gly Gln Val Val Thr Ile Trp Ala Ala Gly
 340 345 350
 gct ggg gcc acc cac agc ccc cct acc gac ctg gtg tgg aag gca cag 1104
 Ala Gly Ala Thr His Ser Pro Pro Thr Asp Leu Val Trp Lys Ala Gln
 355 360 365
 aac acc tgg ggc tgc ggg aac agc ctg cgt acg gct ctc atc aac tcc 1152
 Asn Thr Trp Gly Cys Gly Asn Ser Leu Arg Thr Ala Leu Ile Asn Ser
 370 375 380
 act ggg gaa gaa gtg gcc atg cgc aag ctg gtg cgc tca gtg act gtg 1200
 Thr Gly Glu Glu Val Ala Met Arg Lys Leu Val Arg Ser Val Thr Val
 385 390 395 400
 gtt gag gac gac gag gat gag gat gga gat gac ctg ctc cat cac cac 1248
 Val Glu Asp Asp Glu Asp Glu Asp Gly Asp Asp Leu Leu His His His
 405 410 415
 cac ggc tcc cac tgc agc agc tcg ggg gac ccc gct gag tac aac ctg 1296
 His Gly Ser His Cys Ser Ser Ser Gly Asp Pro Ala Glu Tyr Asn Leu
 420 425 430
 cgc tcg cgc acc gtg ctg tgc ggg acc tgc ggg cag cct gcc gac aag 1344
 Arg Ser Arg Thr Val Leu Cys Gly Thr Cys Gly Gln Pro Ala Asp Lys
 435 440 445
 gca tct gcc agc ggc tca gga gcc cag gtg ggc gga ccc atc tcc tct 1392
 Ala Ser Ala Ser Gly Ser Gly Ala Gln Val Gly Gly Pro Ile Ser Ser
 450 455 460

ggc tct tct gcc tcc agt gtc acg gtc act cgc agc tac cgc agt gtg 1440
 Gly Ser Ser Ala Ser Ser Val Thr Val Thr Arg Ser Tyr Arg Ser Val
 465 470 475 480
 ggg ggc agt ggg ggt ggc agc ttc ggg gac aat ctg gtc acc cgc tcc 1488
 Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Phe Gly Asp Asn Leu Val Thr Arg Ser
 485 490 495
 tac ctc ctg ggc aac tcc agc ccc cga acc cag agc ccc cag aac tgc 1536
 Tyr Leu Leu Gly Asn Ser Ser Pro Arg Thr Gln Ser Pro Gln Asn Cys
 500 505 510
 agc atc atg taatctggga cctgccaggc aggggtgggg gtggaggctt 1585
 Ser Ile Met
 515
 cctgcgtcct cctcacctca tgcccacccc ctgccctgca cgtcatggga gggggcttga 1645
 agccaaagaa aaataaccct ttggtttttt tcttctgtat ttttttttct aagagaagtt 1705
 attttctaca gtggttttat actgaaggaa aaacacaagc aaaaaaaaaa aaaaagcatc 1765
 tatctcatct atctcaatcc taatttctcc tcccttcctt ttccctgctt ccaggaaact 1825
 ccacatctgc cttaaaacca aagagggtt cctctagaag ccaagggaaa ggggtgcttt 1885
 tatagaggct agcttctgct tttctgccct ggctgctgcc ccaccccgga gaccctgtga 1945
 catgggtgcct gagaggcagg catagaggct tctccgccag cctcctctgg acggcaggct 2005
 cactgccagg ccagcctccg agaggagag agagagagag aggacagctt gagccgggcc 2065
 cctggcttgg cctgctgtga ttccactaca cctggctgag gttcctctgc ctgccccgcc 2125
 cccagtcccc acccctgccc ccagccccgg ggtgagtcca ttctcccagg taccagtgc 2185
 gcttgctttt ctgtatttta ttagacaag agatgggaat gaggtgggag gtggaagaag 2245
 ggagaagaaa ggtgagtttg agctgccttc cctagcttta gaccctgggt gggctctgtg 2305
 cagtactgg aggttgaagc caagtggggt gctgggagga gggagaggga ggtcactgga 2365
 aaggggagag cctgctgcac ccaccgtgga ggaggaaggc aagagggggt ggaggggtgt 2425
 ggcagttggt ttggcaaac gcitaaagag cccttgcttc cccatttccc atctgcaccc 2485
 cttctctcct ccccaaatca atacactagt tgtttct 2522

【 0 3 6 5 】

<210> 40

<211> 515

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 40

Thr	Ala	Leu	Ser	Glu	Lys	Arg	Thr	Leu	Glu	Gly	Glu	Leu	His	Asp	Leu
1				5					10					15	
Arg	Gly	Gln	Val	Ala	Lys	Leu	Glu	Ala	Ala	Leu	Gly	Glu	Ala	Lys	Lys
			20					25					30		
Gln	Leu	Gln	Asp	Glu	Met	Leu	Arg	Arg	Val	Asp	Ala	Glu	Asn	Arg	Leu
		35					40						45		
Gln	Thr	Met	Lys	Glu	Glu	Leu	Asp	Phe	Gln	Lys	Asn	Ile	Tyr	Ser	Glu
	50					55					60				
Glu	Leu	Arg	Glu	Thr	Lys	Arg	Arg	His	Glu	Thr	Arg	Leu	Val	Glu	Ile
65				70					75					80	
Asp	Asn	Gly	Lys	Gln	Arg	Glu	Phe	Glu	Ser	Arg	Leu	Ala	Asp	Ala	Leu
				85					90					95	
Gln	Glu	Leu	Arg	Ala	Gln	His	Glu	Asp	Gln	Val	Glu	Gln	Tyr	Lys	Lys
		100						105					110		
Glu	Leu	Glu	Lys	Thr	Tyr	Ser	Ala	Lys	Leu	Asp	Asn	Ala	Arg	Gln	Ser
		115						120					125		
Ala	Glu	Arg	Asn	Ser	Asn	Leu	Val	Gly	Ala	Ala	His	Glu	Glu	Leu	Gln
	130					135						140			
Gln	Ser	Arg	Ile	Arg	Ile	Asp	Ser	Leu	Ser	Ala	Gln	Leu	Ser	Gln	Leu
145				150					155					160	
Gln	Lys	Gln	Leu	Ala	Ala	Lys	Glu	Ala	Lys	Leu	Arg	Asp	Leu	Glu	Asp
				165					170					175	
Ser	Leu	Ala	Arg	Glu	Arg	Asp	Thr	Ser	Arg	Arg	Leu	Leu	Ala	Glu	Lys
		180							185					190	

Glu Arg Glu Met Ala Glu Met Arg Ala Arg Met Gln Gln Gln Leu Asp
 195 200 205
 Glu Tyr Gln Glu Leu Leu Asp Ile Lys Leu Ala Leu Asp Met Glu Ile
 210 215 220
 His Ala Tyr Arg Lys Leu Leu Glu Gly Glu Glu Glu Arg Leu Arg Leu
 225 230 235 240
 Ser Pro Ser Pro Thr Ser Gln Arg Ser Arg Gly Arg Ala Ser Ser His
 245 250 255
 Ser Ser Gln Thr Gln Gly Gly Gly Ser Val Thr Lys Lys Arg Lys Leu
 260 265 270
 Glu Ser Thr Glu Ser Arg Ser Ser Phe Ser Gln His Ala Arg Thr Ser
 275 280 285
 Gly Arg Val Ala Val Glu Glu Val Asp Glu Glu Gly Lys Phe Val Arg
 290 295 300
 Leu Arg Asn Lys Ser Asn Glu Asp Gln Ser Met Gly Asn Trp Gln Ile
 305 310 315 320
 Lys Arg Gln Asn Gly Asp Asp Pro Leu Leu Thr Tyr Arg Phe Pro Pro
 325 330 335
 Lys Phe Thr Leu Lys Ala Gly Gln Val Val Thr Ile Trp Ala Ala Gly
 340 345 350
 Ala Gly Ala Thr His Ser Pro Pro Thr Asp Leu Val Trp Lys Ala Gln
 355 360 365
 Asn Thr Trp Gly Cys Gly Asn Ser Leu Arg Thr Ala Leu Ile Asn Ser
 370 375 380
 Thr Gly Glu Glu Val Ala Met Arg Lys Leu Val Arg Ser Val Thr Val
 385 390 395 400
 Val Glu Asp Asp Glu Asp Glu Asp Gly Asp Asp Leu Leu His His His
 405 410 415
 His Gly Ser His Cys Ser Ser Ser Gly Asp Pro Ala Glu Tyr Asn Leu

420	425	430
Arg Ser Arg Thr Val Leu Cys Gly Thr Cys Gly Gln Pro Ala Asp Lys		
435	440	445
Ala Ser Ala Ser Gly Ser Gly Ala Gln Val Gly Gly Pro Ile Ser Ser		
450	455	460
Gly Ser Ser Ala Ser Ser Val Thr Val Thr Arg Ser Tyr Arg Ser Val		
465	470	475
Gly Gly Ser Gly Gly Gly Ser Phe Gly Asp Asn Leu Val Thr Arg Ser		
485	490	495
Tyr Leu Leu Gly Asn Ser Ser Pro Arg Thr Gln Ser Pro Gln Asn Cys		
500	505	510
Ser Ile Met		

515

【0 3 6 6】

<210> 41

<211> 3474

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (78)..(2813)

<400> 41

gcgcgccggc ggctcgggca gaggggcggg agctgaggcg ggagcggaca ggctggtggg 60

cgagcgagag gcgcgga atg gtg gac tac cac gcg gcg aac cag tcg tac 110

Met Val Asp Tyr His Ala Ala Asn Gln Ser Tyr

1 5 10

cag tac ggc ccc agc agc gcg gca atg gct tgg cgg cgg ggg agc atg 158

Gln Tyr Gly Pro Ser Ser Ala Ala Met Ala Trp Arg Arg Gly Ser Met

15

20

25

ggc gac tac atg gcc cag gag gac gac tgg gac cgg gac ctg ctg ctg	206
Gly Asp Tyr Met Ala Gln Glu Asp Asp Trp Asp Arg Asp Leu Leu Leu	
30 35 40	
gac ccg gcc tgg gag aag cag cag cgc aag acc ttc acg gca tgg agc	254
Asp Pro Ala Trp Glu Lys Gln Gln Arg Lys Thr Phe Thr Ala Trp Ser	
45 50 55	
aac tcc cac ctg cgg aag gca ggc aca cag atc gag aac att gat gag	302
Asn Ser His Leu Arg Lys Ala Gly Thr Gln Ile Glu Asn Ile Asp Glu	
60 65 70 75	
gac ttc cga gac ggg ctc aag ctc atg ctg ctc ctg gag gtc ata tca	350
Asp Phe Arg Asp Gly Leu Lys Leu Met Leu Leu Leu Glu Val Ile Ser	
80 85 90	
ggg gag cgg tta cct aag ccg gag cgg ggg aag atg aga gtg cac aaa	398
Gly Glu Arg Leu Pro Lys Pro Glu Arg Gly Lys Met Arg Val His Lys	
95 100 105	
atc aac aat gtg aac aaa gcg ctg gac ttt att gcc agc aaa ggg atc	446
Ile Asn Asn Val Asn Lys Ala Leu Asp Phe Ile Ala Ser Lys Gly Ile	
110 115 120	
aag ctg gac ttc cat cgg gca gaa gag att gtg gac ggc aac gca aag	494
Lys Leu Asp Phe His Arg Ala Glu Glu Ile Val Asp Gly Asn Ala Lys	
125 130 135	
atg acc ctg gga atg atc tgg acc atc atc ctt agg ttc gcc atc cag	542
Met Thr Leu Gly Met Ile Trp Thr Ile Ile Leu Arg Phe Ala Ile Gln	
140 145 150 155	
gac atc tcc gtg gaa gag acc tcg gcc aag gaa ggg ctc ctt ctc tgg	590
Asp Ile Ser Val Glu Glu Thr Ser Ala Lys Glu Gly Leu Leu Leu Trp	
160 165 170	
tgc cag aga aag aca gcc cca tat aag aac gtc aat gtg cag aac ttc	638
Cys Gln Arg Lys Thr Ala Pro Tyr Lys Asn Val Asn Val Gln Asn Phe	

175	180	185	
cac atc agc tgg aag gat ggt ctt gcc ttc aat gcc ctg atc cac cgg			686
His Ile Ser Trp Lys Asp Gly Leu Ala Phe Asn Ala Leu Ile His Arg			
190	195	200	
cac aga cca gag ctg att gag tat gac aag ctg agg aag gac gac cct			734
His Arg Pro Glu Leu Ile Glu Tyr Asp Lys Leu Arg Lys Asp Asp Pro			
205	210	215	
gtc acc aac ctg aac aat gcc ttc gaa gtg gct gag aaa tac ctc gac			782
Val Thr Asn Leu Asn Asn Ala Phe Glu Val Ala Glu Lys Tyr Leu Asp			
220	225	230	235
atc ccc aag atg ctg gat gca gag gac atc gtg aac acg gcc cgg ccc			830
Ile Pro Lys Met Leu Asp Ala Glu Asp Ile Val Asn Thr Ala Arg Pro			
240	245	250	
gac gag aag gcc ata atg acc tat gtg tcc agc ttc tac cat gcc ttt			878
Asp Glu Lys Ala Ile Met Thr Tyr Val Ser Ser Phe Tyr His Ala Phe			
255	260	265	
tca gga gcg cag aag gct gaa act gaa act gcc gcc aac cgg atc tgt			926
Ser Gly Ala Gln Lys Ala Glu Thr Glu Thr Ala Ala Asn Arg Ile Cys			
270	275	280	
aag gtg ctg gct gtc aac caa gag aac tgc agc acc tcg atg gag gac			974
Lys Val Leu Ala Val Asn Gln Glu Asn Cys Ser Thr Ser Met Glu Asp			
285	290	295	
tac gag aag ctg gcc agc gac ctc ctg gag tgg atc cgg cgc acc atc			1022
Tyr Glu Lys Leu Ala Ser Asp Leu Leu Glu Trp Ile Arg Arg Thr Ile			
300	305	310	315
ccc tgg ctg gag gac cgt gtg ccc caa aag act atc cag gag atg cag			1070
Pro Trp Leu Glu Asp Arg Val Pro Gln Lys Thr Ile Gln Glu Met Gln			
320	325	330	
cag aag ctg gag gac ttc cgc gac tac cgg cgt gtg cac aag ccg ccc			1118

Gln Lys Leu Glu Asp Phe Arg Asp Tyr Arg Arg Val His Lys Pro Pro	
335	340
aag gtg cag gag aag tgc cag ctg gag atc aac ttc aac agc gtg cag	1166
Lys Val Gln Glu Lys Cys Gln Leu Glu Ile Asn Phe Asn Ser Val Gln	
350	355
acc aag ctg cgc ctc agc aac cgg ccc gcc ttc atg ccc tcc gag ggc	1214
Thr Lys Leu Arg Leu Ser Asn Arg Pro Ala Phe Met Pro Ser Glu Gly	
365	370
aag atg gtc tcg gac atc aac aat ggc tgg cag cac ttg gag cag gct	1262
Lys Met Val Ser Asp Ile Asn Asn Gly Trp Gln His Leu Glu Gln Ala	
380	385
gag aag ggc tac gag gag tgg ctg ctg aat gag att cgc agg ctg gag	1310
Glu Lys Gly Tyr Glu Glu Trp Leu Leu Asn Glu Ile Arg Arg Leu Glu	
400	405
cgg ctc gac cac ctg gca gag aag ttc cgg cag aaa gcc tcc atc cac	1358
Arg Leu Asp His Leu Ala Glu Lys Phe Arg Gln Lys Ala Ser Ile His	
415	420
gag gcc tgg act gac ggg aag gaa gcc atg ctg aag cac cgg gac tac	1406
Glu Ala Trp Thr Asp Gly Lys Glu Ala Met Leu Lys His Arg Asp Tyr	
430	435
gag acg gcc aca cta tcg gac atc aaa gcc ctc att cgc aag cac gag	1454
Glu Thr Ala Thr Leu Ser Asp Ile Lys Ala Leu Ile Arg Lys His Glu	
445	450
gcc ttc gag agc gac ctg gct gcg cac cag gac cgc gtg gag cag atc	1502
Ala Phe Glu Ser Asp Leu Ala Ala His Gln Asp Arg Val Glu Gln Ile	
460	465
gcc gcc tcc gcc cag gag ctc aac gag ctg gat tac tac gac tcc cac	1550
Ala Ala Ser Ala Gln Glu Leu Asn Glu Leu Asp Tyr Tyr Asp Ser His	
480	485
	490

aat gtc aac acc cgg tgc cag aag atc tgt gac cag tgg gac gcc ctc	1598
Asn Val Asn Thr Arg Cys Gln Lys Ile Cys Asp Gln Trp Asp Ala Leu	
495 500 505	
ggc tct ctg aca cat agt cgc agg gaa gcc ctg gag aaa aca gag aag	1646
Gly Ser Leu Thr His Ser Arg Arg Glu Ala Leu Glu Lys Thr Glu Lys	
510 515 520	
cag ctg gag gcc atc atc gac cag ctg cac ctg gaa tac gcc aag ccc	1694
Gln Leu Glu Ala Ile Ile Asp Gln Leu His Leu Glu Tyr Ala Lys Pro	
525 530 535	
gcg gcc ccc ttc aac aac tgg atg gag agc gcc atg gag gac ctc cag	1742
Ala Ala Pro Phe Asn Asn Trp Met Glu Ser Ala Met Glu Asp Leu Gln	
540 545 550 555	
gac atg ttc atc gtc cat acc atc gag gag att gag ggc ctg atc tca	1790
Asp Met Phe Ile Val His Thr Ile Glu Glu Ile Glu Gly Leu Ile Ser	
560 565 570	
gcc cat gac cag ttc aag tcc acc ctg ccg gac gcc gat agg gag cgc	1838
Ala His Asp Gln Phe Lys Ser Thr Leu Pro Asp Ala Asp Arg Glu Arg	
575 580 585	
gag gcc atc ctg cat cca caa gga ggc cag agg atc gct gag agc aac	1886
Glu Ala Ile Leu His Pro Gln Gly Gly Gln Arg Ile Ala Glu Ser Asn	
590 595 600	
cac atc aag ctg tcg ggc agc aac ccc tac acc acc gtc acc ccg caa	1934
His Ile Lys Leu Ser Gly Ser Asn Pro Tyr Thr Thr Val Thr Pro Gln	
605 610 615	
atc atc aac tcc aag tgg gag aag gtg cag cag ctg gtg cca aaa cgg	1982
Ile Ile Asn Ser Lys Trp Glu Lys Val Gln Gln Leu Val Pro Lys Arg	
620 625 630 635	
gac cat gcc ctc ctg gag gag cag agc aag cag cag cag tcc aac gag	2030
Asp His Ala Leu Leu Glu Glu Gln Ser Lys Gln Gln Gln Ser Asn Glu	

640	645	650	
cac ctg cgc cgc cag ttc gcc agc cag gcc aat gtt gtg ggg ccc tgg			2078
His Leu Arg Arg Gln Phe Ala Ser Gln Ala Asn Val Val Gly Pro Trp			
655	660	665	
atc cag acc aag atg gag gag atc gcg atc tcc att gag atg aac ggg			2126
Ile Gln Thr Lys Met Glu Glu Ile Ala Ile Ser Ile Glu Met Asn Gly			
670	675	680	
acc ctg gag gac cag ctg agc cac ctg aag cag tat gaa cgc agc atc			2174
Thr Leu Glu Asp Gln Leu Ser His Leu Lys Gln Tyr Glu Arg Ser Ile			
685	690	695	
gtg gac tac aag ccc aac ctg gac ctg ctg gag cag cag cac cag ctc			2222
Val Asp Tyr Lys Pro Asn Leu Asp Leu Leu Glu Gln Gln His Gln Leu			
700	705	710	715
atc cag gag gcc ctc atc ttc gac aac aag cac acc aac tat acc atg			2270
Ile Gln Glu Ala Leu Ile Phe Asp Asn Lys His Thr Asn Tyr Thr Met			
720	725	730	
gag cac atc cgc gtg ggc tgg gag cag ctg ctc acc acc att gcc cgc			2318
Glu His Ile Arg Val Gly Trp Glu Gln Leu Leu Thr Thr Ile Ala Arg			
735	740	745	
acc atc aac gag gtg gag aac cag atc ctt acc cgc gac gcc aag ggc			2366
Thr Ile Asn Glu Val Glu Asn Gln Ile Leu Thr Arg Asp Ala Lys Gly			
750	755	760	
atc agc cag gag cag atg cag gag ttc cgg gcg tcc ttc aac cac ttc			2414
Ile Ser Gln Glu Gln Met Gln Glu Phe Arg Ala Ser Phe Asn His Phe			
765	770	775	
gac aag gat cat ggc ggg gcg ctg ggg cga gga gtt caa ggc ctg cct			2462
Asp Lys Asp His Gly Gly Ala Leu Gly Arg Gly Val Gln Gly Leu Pro			
780	785	790	795
cat cag cct ggg cta cga cgt gga gaa cga ccg gca ggt gag gcc gag			2510

His Gln Pro Gly Leu Arg Arg Gly Glu Arg Pro Ala Gly Glu Ala Glu
800 805 810
ttc aac cgc atc atg agc ctg gtc gac ccc aac cat agc ggc ctt gtt 2558
Phe Asn Arg Ile Met Ser Leu Val Asp Pro Asn His Ser Gly Leu Val
815 820 825
acc ttc caa gcc ttc atc gac ttc atg tcg cgg gag acc acc gac acc 2606
Thr Phe Gln Ala Phe Ile Asp Phe Met Ser Arg Glu Thr Thr Asp Thr
830 835 840
gac acg gct gac cag gta atc act tcc ttc aag gtc cta gca ggg gac 2654
Asp Thr Ala Asp Gln Val Ile Thr Ser Phe Lys Val Leu Ala Gly Asp
845 850 855
aag aac ttc atc aca gct gag gag ctg cgg aga gag ctg ccc ccc gac 2702
Lys Asn Phe Ile Thr Ala Glu Glu Leu Arg Arg Glu Leu Pro Pro Asp
860 865 870 875
cag gcc gag tac tgc atc gcc cgc atg gcg cca tac cag ggc cct gac 2750
Gln Ala Glu Tyr Cys Ile Ala Arg Met Ala Pro Tyr Gln Gly Pro Asp
880 885 890
ggc gtg cgc ggt gcc ctc gac tac aag tcc ttc tcc acg gcc ttg tat 2798
Gly Val Arg Gly Ala Leu Asp Tyr Lys Ser Phe Ser Thr Ala Leu Tyr
895 900 905
ggc gag agc gac ctg tgaggcccca gagacctgac ccaacacccc cgacgcctcc 2853
Gly Glu Ser Asp Leu
910
aggagcctgg cagccccaca gtcccatgcc tccactctgt atctatgcaa agcactctct 2913
ctgcagtctc cggggtgggt ggggtgggcag ggaggggctg gggcaggctc tctcctctct 2973
ctctttgttg gttggccagg aggttcccc gaccagggtg gggagacttg gggccagcgc 3033
ttctggtctg gtaaataatgt atgatgtgtt gtgctttttt aaccaaggag gggccagtgg 3093
attccacag cacaaccggt cccttccatg ccctgggatg cctcaccaca cccaggtctc 3153
ttcctttgct ctgagggtccc ttcaaggcct cccaatcca ggccaaagcc ccatgtgcct 3213

tgtccagggg actgcctggg ccatgcgagg ggccagcaga gggcgccacc acctgacggc 3273
 tgggacccac ccagcccttc tcccctctct gctccagact cacttgccat tgccaggaga 3333
 tggccccaac aagcaccctg cttttgcagc agaggagctg agttggcaga ccgggcccc 3393
 ctgaaccgca ccccatccca ccagccccgg ccttgctttg tctggcctca cgtgtctcag 3453
 attttctaag aaccaaaaaa a 3474

【 0 3 6 7 】

<210> 42

<211> 912

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 42

Met	Val	Asp	Tyr	His	Ala	Ala	Asn	Gln	Ser	Tyr	Gln	Tyr	Gly	Pro	Ser
1					5				10					15	
Ser	Ala	Ala	Met	Ala	Trp	Arg	Arg	Gly	Ser	Met	Gly	Asp	Tyr	Met	Ala
				20				25					30		
Gln	Glu	Asp	Asp	Trp	Asp	Arg	Asp	Leu	Leu	Leu	Asp	Pro	Ala	Trp	Glu
				35				40					45		
Lys	Gln	Gln	Arg	Lys	Thr	Phe	Thr	Ala	Trp	Ser	Asn	Ser	His	Leu	Arg
				50				55					60		
Lys	Ala	Gly	Thr	Gln	Ile	Glu	Asn	Ile	Asp	Glu	Asp	Phe	Arg	Asp	Gly
				65				70					75		80
Leu	Lys	Leu	Met	Leu	Leu	Leu	Glu	Val	Ile	Ser	Gly	Glu	Arg	Leu	Pro
				85				90					95		
Lys	Pro	Glu	Arg	Gly	Lys	Met	Arg	Val	His	Lys	Ile	Asn	Asn	Val	Asn
				100				105					110		
Lys	Ala	Leu	Asp	Phe	Ile	Ala	Ser	Lys	Gly	Ile	Lys	Leu	Asp	Phe	His
				115				120					125		
Arg	Ala	Glu	Glu	Ile	Val	Asp	Gly	Asn	Ala	Lys	Met	Thr	Leu	Gly	Met
				130				135					140		

Ile Trp Thr Ile Ile Leu Arg Phe Ala Ile Gln Asp Ile Ser Val Glu
145 150 155 160
Glu Thr Ser Ala Lys Glu Gly Leu Leu Leu Trp Cys Gln Arg Lys Thr
165 170 175
Ala Pro Tyr Lys Asn Val Asn Val Gln Asn Phe His Ile Ser Trp Lys
180 185 190
Asp Gly Leu Ala Phe Asn Ala Leu Ile His Arg His Arg Pro Glu Leu
195 200 205
Ile Glu Tyr Asp Lys Leu Arg Lys Asp Asp Pro Val Thr Asn Leu Asn
210 215 220
Asn Ala Phe Glu Val Ala Glu Lys Tyr Leu Asp Ile Pro Lys Met Leu
225 230 235 240
Asp Ala Glu Asp Ile Val Asn Thr Ala Arg Pro Asp Glu Lys Ala Ile
245 250 255
Met Thr Tyr Val Ser Ser Phe Tyr His Ala Phe Ser Gly Ala Gln Lys
260 265 270
Ala Glu Thr Glu Thr Ala Ala Asn Arg Ile Cys Lys Val Leu Ala Val
275 280 285
Asn Gln Glu Asn Cys Ser Thr Ser Met Glu Asp Tyr Glu Lys Leu Ala
290 295 300
Ser Asp Leu Leu Glu Trp Ile Arg Arg Thr Ile Pro Trp Leu Glu Asp
305 310 315 320
Arg Val Pro Gln Lys Thr Ile Gln Glu Met Gln Gln Lys Leu Glu Asp
325 330 335
Phe Arg Asp Tyr Arg Arg Val His Lys Pro Pro Lys Val Gln Glu Lys
340 345 350
Cys Gln Leu Glu Ile Asn Phe Asn Ser Val Gln Thr Lys Leu Arg Leu
355 360 365
Ser Asn Arg Pro Ala Phe Met Pro Ser Glu Gly Lys Met Val Ser Asp

370	375	380
Ile Asn Asn Gly Trp Gln His Leu Glu Gln Ala Glu Lys Gly Tyr Glu		
385	390	395
Glu Trp Leu Leu Asn Glu Ile Arg Arg Leu Glu Arg Leu Asp His Leu		400
	405	410
Ala Glu Lys Phe Arg Gln Lys Ala Ser Ile His Glu Ala Trp Thr Asp		415
	420	425
Gly Lys Glu Ala Met Leu Lys His Arg Asp Tyr Glu Thr Ala Thr Leu		430
	435	440
Ser Asp Ile Lys Ala Leu Ile Arg Lys His Glu Ala Phe Glu Ser Asp		445
	450	455
Leu Ala Ala His Gln Asp Arg Val Glu Gln Ile Ala Ala Ser Ala Gln		460
465	470	475
Glu Leu Asn Glu Leu Asp Tyr Tyr Asp Ser His Asn Val Asn Thr Arg		480
	485	490
Cys Gln Lys Ile Cys Asp Gln Trp Asp Ala Leu Gly Ser Leu Thr His		495
	500	505
Ser Arg Arg Glu Ala Leu Glu Lys Thr Glu Lys Gln Leu Glu Ala Ile		510
	515	520
Ile Asp Gln Leu His Leu Glu Tyr Ala Lys Pro Ala Ala Pro Phe Asn		525
	530	535
Asn Trp Met Glu Ser Ala Met Glu Asp Leu Gln Asp Met Phe Ile Val		540
545	550	555
His Thr Ile Glu Glu Ile Glu Gly Leu Ile Ser Ala His Asp Gln Phe		560
	565	570
Lys Ser Thr Leu Pro Asp Ala Asp Arg Glu Arg Glu Ala Ile Leu His		575
	580	585
Pro Gln Gly Gly Gln Arg Ile Ala Glu Ser Asn His Ile Lys L u Ser		590
	595	600
		605

Gly Ser Asn Pro Tyr Thr Thr Val Thr Pro Gln Ile Ile Asn Ser Lys
610 615 620
Trp Glu Lys Val Gln Gln Leu Val Pro Lys Arg Asp His Ala Leu Leu
625 630 635 640
Glu Glu Gln Ser Lys Gln Gln Gln Ser Asn Glu His Leu Arg Arg Gln
645 650 655
Phe Ala Ser Gln Ala Asn Val Val Gly Pro Trp Ile Gln Thr Lys Met
660 665 670
Glu Glu Ile Ala Ile Ser Ile Glu Met Asn Gly Thr Leu Glu Asp Gln
675 680 685
Leu Ser His Leu Lys Gln Tyr Glu Arg Ser Ile Val Asp Tyr Lys Pro
690 695 700
Asn Leu Asp Leu Leu Glu Gln Gln His Gln Leu Ile Gln Glu Ala Leu
705 710 715 720
Ile Phe Asp Asn Lys His Thr Asn Tyr Thr Met Glu His Ile Arg Val
725 730 735
Gly Trp Glu Gln Leu Leu Thr Thr Ile Ala Arg Thr Ile Asn Glu Val
740 745 750
Glu Asn Gln Ile Leu Thr Arg Asp Ala Lys Gly Ile Ser Gln Glu Gln
755 760 765
Met Gln Glu Phe Arg Ala Ser Phe Asn His Phe Asp Lys Asp His Gly
770 775 780
Gly Ala Leu Gly Arg Gly Val Gln Gly Leu Pro His Gln Pro Gly Leu
785 790 795 800
Arg Arg Gly Glu Arg Pro Ala Gly Glu Ala Glu Phe Asn Arg Ile Met
805 810 815
Ser Leu Val Asp Pro Asn His Ser Gly Leu Val Thr Phe Gln Ala Phe
820 825 830
Ile Asp Phe Met Ser Arg Glu Thr Thr Asp Thr Asp Thr Ala Asp Gln

835	840	845
Val Ile Thr Ser Phe Lys Val Leu Ala Gly Asp Lys Asn Phe Ile Thr		
850	855	860
Ala Glu Glu Leu Arg Arg Glu Leu Pro Pro Asp Gln Ala Glu Tyr Cys		
865	870	875
Ile Ala Arg Met Ala Pro Tyr Gln Gly Pro Asp Gly Val Arg Gly Ala		
885	890	895
Leu Asp Tyr Lys Ser Phe Ser Thr Ala Leu Tyr Gly Glu Ser Asp Leu		
900	905	910

【 0 3 6 8 】

<210> 43

<211> 8971

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (110)..(8224)

<400> 43

agcccaaacc gcggccctag ccccgccgc acccccagcc cgcgccagca tgatgaacaa 60
cagcggctac tcagacgccg gcctcggcct gggcgatgag acagacgag atg ccg tcc 118

Met Pro Ser

1

acg gag aag gac ctg gcg gag gac gcg ccg tgg aag aag atc cag cag 166

Thr Glu Lys Asp Leu Ala Glu Asp Ala Pro Trp Lys Lys Ile Gln Gln

5

10

15

aac aca ttc acg cgc tgg tgc aat gag cac ctc aag tgc gtg ggc aag 214

Asn Thr Phe Thr Arg Trp Cys Asn Glu His Leu Lys Cys Val Gly Lys

20

25

30

35

cgc ctg acc gac ctg cag cgc gac ctc agc gac ggg ctc cgg ctc atc 262

Arg Leu Thr Asp Leu Gln Arg Asp Leu Ser Asp Gly Leu Arg Leu Ile	
40 45 50	
gcg ctg ctc gag gtg ctc agc cag aag cgc atg tac cgc aag ttc cat	310
Ala Leu Leu Glu Val Leu Ser Gln Lys Arg Met Tyr Arg Lys Phe His	
55 60 65	
ccg cgc ccc aac ttc cgc caa atg aag ctg gag aac gtg tcc gtg gcc	358
Pro Arg Pro Asn Phe Arg Gln Met Lys Leu Glu Asn Val Ser Val Ala	
70 75 80	
ctc gag ttc ctc gag cgc gag cac atc aag ctc gtg tcc ata gac agc	406
Leu Glu Phe Leu Glu Arg Glu His Ile Lys Leu Val Ser Ile Asp Ser	
85 90 95	
aag gcc atc gtg gat ggg aac ctg aag ctg atc ctg ggc ctg atc tgg	454
Lys Ala Ile Val Asp Gly Asn Leu Lys Leu Ile Leu Gly Leu Ile Trp	
100 105 110 115	
acg ctg atc ctg cac tac tcc atc tcc atg ccc atg tgg gag gat gaa	502
Thr Leu Ile Leu His Tyr Ser Ile Ser Met Pro Met Trp Glu Asp Glu	
120 125 130	
gat gat gag gat gcc cgc aaa cag acg ccc aag cag cgg ctg ctt ggc	550
Asp Asp Glu Asp Ala Arg Lys Gln Thr Pro Lys Gln Arg Leu Leu Gly	
135 140 145	
tgg atc cag aac aag gtg ccc cag ctg ccc atc acc aac ttc aac cgt	598
Trp Ile Gln Asn Lys Val Pro Gln Leu Pro Ile Thr Asn Phe Asn Arg	
150 155 160	
gac tgg cag gac ggc aaa gct ctg ggc gcc ctg gtg gac aac tgc gcc	646
Asp Trp Gln Asp Gly Lys Ala Leu Gly Ala Leu Val Asp Asn Cys Ala	
165 170 175	
ccc ggt ctc tgc ccc gac tgg gag gcc tgg gat ccc aac cag ccc gtg	694
Pro Gly Leu Cys Pr Asp Trp Glu Ala Trp Asp Pro Asn Gln Pr Val	
180 185 190 195	

gag aac tcc cgg gag gcc atg cag cag gcc gac gac tgg ctt ggg gtg	742
Glu Asn Ser Arg Glu Ala Met Gln Gln Ala Asp Asp Trp Leu Gly Val	
200 205 210	
ccc cag gtc att gcc cct gag gag att gtg gac ccc aac gtg gat gag	790
Pro Gln Val Ile Ala Pro Glu Glu Ile Val Asp Pro Asn Val Asp Glu	
215 220 225	
cat tct gtt atg acc tac ctg tcc cag ttc ccc aag gcc aag ctc aaa	838
His Ser Val Met Thr Tyr Leu Ser Gln Phe Pro Lys Ala Lys Leu Lys	
230 235 240	
cct ggt gcc cct gtt cga tcc aag cag ctg aac ccc aag aaa gcc atc	886
Pro Gly Ala Pro Val Arg Ser Lys Gln Leu Asn Pro Lys Lys Ala Ile	
245 250 255	
gcc tat ggg cct ggc atc gag cca cag ggc aac acc gtg ctg cag cct	934
Ala Tyr Gly Pro Gly Ile Glu Pro Gln Gly Asn Thr Val Leu Gln Pro	
260 265 270 275	
gcc cac ttc acc gtg cag acg gtg gac gcg ggc gtg ggc gag gtg ctg	982
Ala His Phe Thr Val Gln Thr Val Asp Ala Gly Val Gly Glu Val Leu	
280 285 290	
gtc tac atc gag gac cct gaa ggc cac acc gag gag gct aag gtg gtt	1030
Val Tyr Ile Glu Asp Pro Glu Gly His Thr Glu Glu Ala Lys Val Val	
295 300 305	
ccc aac aat gac aag gat cgc acc tat gct gtc tcc tat gtg ccc aag	1078
Pro Asn Asn Asp Lys Asp Arg Thr Tyr Ala Val Ser Tyr Val Pro Lys	
310 315 320	
gtc gct ggg tta cac aag gtg acc gtg ctc ttt gct ggc cag aac att	1126
Val Ala Gly Leu His Lys Val Thr Val Leu Phe Ala Gly Gln Asn Ile	
325 330 335	
gaa cgc agt ccc ttt gag gtg aac gtg ggc atg gcc ctg gga gat gcc	1174
Glu Arg Ser Pro Phe Glu Val Asn Val Gly Met Ala Leu Gly Asp Ala	

340	345	350	355	
aac aag gtg tca gcc cgt ggc cct ggc ctg gaa cct gtg ggc aat gtg	1222			
Asn Lys Val Ser Ala Arg Gly Pro Gly Leu Glu Pro Val Gly Asn Val				
360	365	370		
gcc aac aaa ccc acc tac ttt gac atc tac act gcg ggg gcc ggc act	1270			
Ala Asn Lys Pro Thr Tyr Phe Asp Ile Tyr Thr Ala Gly Ala Gly Thr				
375	380	385		
ggc gat gtt gct gtg gtg atc gtg gac cca cag ggc cgg cgg gac aca	1318			
Gly Asp Val Ala Val Val Ile Val Asp Pro Gln Gly Arg Arg Asp Thr				
390	395	400		
gtg gag gtg gcc ctg gag gac aag ggt gac agc acg ttc cgc tgc aca	1366			
Val Glu Val Ala Leu Glu Asp Lys Gly Asp Ser Thr Phe Arg Cys Thr				
405	410	415		
tac aga cct gcc atg gag ggg cca cat acc gtg cat gtg gcc ttt gcg	1414			
Tyr Arg Pro Ala Met Glu Gly Pro His Thr Val His Val Ala Phe Ala				
420	425	430	435	
ggt gcc ccc atc acc cgc agt ccc ttc cct gtc cat gtg tgc gaa gcc	1462			
Gly Ala Pro Ile Thr Arg Ser Pro Phe Pro Val His Val Ser Glu Ala				
440	445	450		
tgt aac ccc aac gcc tgc cgc gcc tct ggg cga ggc ctg cag ccc aag	1510			
Cys Asn Pro Asn Ala Cys Arg Ala Ser Gly Arg Gly Leu Gln Pro Lys				
455	460	465		
ggt gtt cgc gtg aaa gag gtg gct gac ttc aag gtg ttt acc aag ggt	1558			
Gly Val Arg Val Lys Glu Val Ala Asp Phe Lys Val Phe Thr Lys Gly				
470	475	480		
gcc ggc agc ggg gag ctc aag gtc acg gtc aag ggg cca aag ggc aca	1606			
Ala Gly Ser Gly Glu Leu Lys Val Thr Val Lys Gly Pro Lys Gly Thr				
485	490	495		
gag gag cca gtg aag gtg cgg gag gct ggg gat ggt gtg ttc gag tgc	1654			

Glu Glu Pro Val Lys Val Arg Glu Ala Gly Asp Gly Val Phe Glu Cys	
500	505 510 515
gag tac tac ccg gtg gtg cct ggg aag tat gtg gtg acc atc acg tgg	1702
Glu Tyr Tyr Pro Val Val Pro Gly Lys Tyr Val Val Thr Ile Thr Trp	
520	525 530
ggc ggc tac gcc atc cct cgc agc ccc ttt gag gta cag gtg agc cca	1750
Gly Gly Tyr Ala Ile Pro Arg Ser Pro Phe Glu Val Gln Val Ser Pro	
535	540 545
gag gca gga gtg caa aag gtc cgg gcc tgg ggt cct ggt ttg gag act	1798
Glu Ala Gly Val Gln Lys Val Arg Ala Trp Gly Pro Gly Leu Glu Thr	
550	555 560
ggc cag gtg ggc aag tca gcc gat ttt gtg gtg gaa gcc att ggc acc	1846
Gly Gln Val Gly Lys Ser Ala Asp Phe Val Val Glu Ala Ile Gly Thr	
565	570 575
gag gtg ggg aca ctg ggc ttc tcc atc gag ggg ccc tca caa gcc aag	1894
Glu Val Gly Thr Leu Gly Phe Ser Ile Glu Gly Pro Ser Gln Ala Lys	
580	585 590 595
atc gaa tgt gac gat aag ggg gat ggc tcc tgc gat gtg cgg tac tgg	1942
Ile Glu Cys Asp Asp Lys Gly Asp Gly Ser Cys Asp Val Arg Tyr Trp	
600	605 610
ccc acg gag cct ggg gag tac gct gtg cac gtc atc tgt gac gat gag	1990
Pro Thr Glu Pro Gly Glu Tyr Ala Val His Val Ile Cys Asp Asp Glu	
615	620 625
gac atc cga gac tca ccc ttc att gcc cac atc ctg ccc gcc cca cct	2038
Asp Ile Arg Asp Ser Pro Phe Ile Ala His Ile Leu Pro Ala Pro Pro	
630	635 640
gac tgc ttc cca gat aag gtg aag gcc ttt ggg cct ggc ctg gag cct	2086
Asp Cys Phe Pro Asp Lys Val Lys Ala Phe Gly Pro Gly Leu Glu Pro	
645	650 655

acc ggc tgc atc gtg gac aag ccc gct gag ttc acc att gat gct cgt	2134
Thr Gly Cys Ile Val Asp Lys Pro Ala Glu Phe Thr Ile Asp Ala Arg	
660 665 670 675	
gca gct ggc aag gga gac ctg aag ctc tat gcc cag gac gcc gac ggc	2182
Ala Ala Gly Lys Gly Asp Leu Lys Leu Tyr Ala Gln Asp Ala Asp Gly	
680 685 690	
tgt ccc atc gac atc aag gtg atc ccc aac ggc aac ggc acc ttc cgc	2230
Cys Pro Ile Asp Ile Lys Val Ile Pro Asn Gly Asn Gly Thr Phe Arg	
695 700 705	
tgc tcc tac gtg ccc acc aag ccc att aag cac acc atc atc atc tcc	2278
Cys Ser Tyr Val Pro Thr Lys Pro Ile Lys His Thr Ile Ile Ile Ser	
710 715 720	
tgg gga ggc gta aac gtg ccc aag agc ccc ttc cgg gtg aac gtg ggc	2326
Trp Gly Gly Val Asn Val Pro Lys Ser Pro Phe Arg Val Asn Val Gly	
725 730 735	
gag ggc agc cac ccc gag cgg gta aag gtg tac ggc ccc gga gtg gag	2374
Glu Gly Ser His Pro Glu Arg Val Lys Val Tyr Gly Pro Gly Val Glu	
740 745 750 755	
aag aca ggc ctc aag gcc aat gag ccc acc tac ttc acg gtg gac tgc	2422
Lys Thr Gly Leu Lys Ala Asn Glu Pro Thr Tyr Phe Thr Val Asp Cys	
760 765 770	
agc gag gcg ggg caa ggc gac gtg agc atc ggc atc aag tgc gcc cca	2470
Ser Glu Ala Gly Gln Gly Asp Val Ser Ile Gly Ile Lys Cys Ala Pro	
775 780 785	
ggc gtg gtg ggc cct gca gag gct gac att gac ttc gac atc atc aag	2518
Gly Val Val Gly Pro Ala Glu Ala Asp Ile Asp Phe Asp Ile Ile Lys	
790 795 800	
aat gac aac gac acc ttc acc gtc aag tac acg cca cca ggg gcg ggc	2566
Asn Asp Asn Asp Thr Phe Thr Val Lys Tyr Thr Pro Pro Gly Ala Gly	

805	810	815	
cgc tac acc atc atg gtg ctg ttt gcc aac cag gag atc ccc gcc agc	2614		
Arg Tyr Thr Ile Met Val Leu Phe Ala Asn Gln Glu Ile Pro Ala Ser			
820	825	830	835
ccc ttc cac atc aag gtg gac cca tcc cac gat gcc agc aaa gtc aag	2662		
Pro Phe His Ile Lys Val Asp Pro Ser His Asp Ala Ser Lys Val Lys			
840	845	850	
gcc gag ggc cct ggg ctg aat cgc aca ggt gtg gaa gtc ggg aag ccc	2710		
Ala Glu Gly Pro Gly Leu Asn Arg Thr Gly Val Glu Val Gly Lys Pro			
855	860	865	
acc cac ttc acg gtg ctg acc aag gga gcc ggc aag gcc aag ctg gat	2758		
Thr His Phe Thr Val Leu Thr Lys Gly Ala Gly Lys Ala Lys Leu Asp			
870	875	880	
gtg cag ttt gca ggg aca gcc aag ggc gag gtt gtg cgg gac ttt gag	2806		
Val Gln Phe Ala Gly Thr Ala Lys Gly Glu Val Val Arg Asp Phe Glu			
885	890	895	
atc ata gac aac cat gac tac tcc tac act gtc aag tac acc gct gtc	2854		
Ile Ile Asp Asn His Asp Tyr Ser Tyr Thr Val Lys Tyr Thr Ala Val			
900	905	910	915
cag cag ggc aac atg gca gtg aca gtg act tat ggc ggg gac cct gtc	2902		
Gln Gln Gly Asn Met Ala Val Thr Val Thr Tyr Gly Gly Asp Pro Val			
920	925	930	
ccc aag agc ccc ttt gtg gtg aat gtg gca ccc ccg ctg gac ctc agc	2950		
Pro Lys Ser Pro Phe Val Val Asn Val Ala Pro Pro Leu Asp Leu Ser			
935	940	945	
aaa atc aaa gtt cag ggc ctt aat agc aag gtg gct gtg gga cag gaa	2998		
Lys Ile Lys Val Gln Gly Leu Asn Ser Lys Val Ala Val Gly Gln Glu			
950	955	960	
caa gca ttc tct gtg aac aca cga ggg gct ggc ggt cag ggc caa ctg	3046		

Gln Ala Phe Ser Val Asn Thr Arg Gly Ala Gly Gly Gln Gly Gln Leu	
965	970
gat gtg cgg atg act tcg ccc tct cgc cgg ccc atc ccc tgc aag ctg	3094
Asp Val Arg Met Thr Ser Pro Ser Arg Arg Pro Ile Pro Cys Lys Leu	
980	985
gag cca ggc ggt gga gcg gaa gcc cag gct gtg cgc tac atg ccc ccg	3142
Glu Pro Gly Gly Gly Ala Glu Ala Gln Ala Val Arg Tyr Met Pro Pro	
1000	1005
gag gag ggg ccc tac aag gtg gat atc acc tac gat ggt cac ccg gtg	3190
Glu Glu Gly Pro Tyr Lys Val Asp Ile Thr Tyr Asp Gly His Pro Val	
1015	1020
cct ggc agc ccg ttt gct gtg gag ggt gtc ctg ccc cct gat ccc tcc	3238
Pro Gly Ser Pro Phe Ala Val Glu Gly Val Leu Pro Pro Asp Pro Ser	
1030	1035
aag gtc tgt gct tat ggc ccg ggt ctc aag ggt gga ctg gta ggc acc	3286
Lys Val Cys Ala Tyr Gly Pro Gly Leu Lys Gly Gly Leu Val Gly Thr	
1045	1050
ccc gcg cca ttc tcc atc gac acc aag ggg gct ggc aca ggt ggc ctg	3334
Pro Ala Pro Phe Ser Ile Asp Thr Lys Gly Ala Gly Thr Gly Gly Leu	
1060	1065
ggg ctg acc gta gag ggc ccc tgc gag gcc aag atc gag tgc cag gac	3382
Gly Leu Thr Val Glu Gly Pro Cys Glu Ala Lys Ile Glu Cys Gln Asp	
1080	1085
aat ggt gat ggc tca tgt gct gtc agc tac ctg ccc acg gag cct ggc	3430
Asn Gly Asp Gly Ser Cys Ala Val Ser Tyr Leu Pro Thr Glu Pro Gly	
1095	1100
gag tac acc atc aac atc ctg ttt gct gag gcc cac atc cct ggc tcg	3478
Glu Tyr Thr Ile Asn Ile Leu Phe Ala Glu Ala His Ile Pro Gly Ser	
1110	1115
	1120

ccc ttc aaa gcc acc att cgg cct gtg ttt gac ccg agc aag gtg cgg	3526
Pro Phe Lys Ala Thr Ile Arg Pro Val Phe Asp Pro Ser Lys Val Arg	
1125 1130 1135	
gcc agt gga ccg ggc ctg gag cgc ggc aag gtc ggt gag gca gcc acc	3574
Ala Ser Gly Pro Gly Leu Glu Arg Gly Lys Val Gly Glu Ala Ala Thr	
1140 1145 1150 1155	
ttc act gtg gac tgc tca gag gca ggc gag gcg gag ctg acc att gag	3622
Phe Thr Val Asp Cys Ser Glu Ala Gly Glu Ala Glu Leu Thr Ile Glu	
1160 1165 1170	
atc ctg tcg gat gcc ggg gtc aag gcc gag gtg ctg atc cac aac aac	3670
Ile Leu Ser Asp Ala Gly Val Lys Ala Glu Val Leu Ile His Asn Asn	
1175 1180 1185	
gcg gat ggc acc tac cac atc acc tac agc cct gcc ttc cct ggc acc	3718
Ala Asp Gly Thr Tyr His Ile Thr Tyr Ser Pro Ala Phe Pro Gly Thr	
1190 1195 1200	
tac acc att acc atc aag tat ggc ggg cat ccc gtg ccc aaa ttc ccc	3766
Tyr Thr Ile Thr Ile Lys Tyr Gly Gly His Pro Val Pro Lys Phe Pro	
1205 1210 1215	
acc cgt gtc cat gtg cag cct gcg gtc gat acc agt ggc gtc aag gtc	3814
Thr Arg Val His Val Gln Pro Ala Val Asp Thr Ser Gly Val Lys Val	
1220 1225 1230 1235	
tca ggg cct ggt gtt gag cca cac ggt gtc ctg cgg gag gtg acc act	3862
Ser Gly Pro Gly Val Glu Pro His Gly Val Leu Arg Glu Val Thr Thr	
1240 1245 1250	
gag ttc act gtg gat gca aga tcc cta aca gcc aca ggc ggc aac cac	3910
Glu Phe Thr Val Asp Ala Arg Ser Leu Thr Ala Thr Gly Gly Asn His	
1255 1260 1265	
gtg acg gct cgt gtg ctc aac ccc tcg ggg gcc aag aca gac acc tat	3958
Val Thr Ala Arg Val Leu Asn Pro Ser Gly Ala Lys Thr Asp Thr Tyr	

1270	1275	1280	
gtg aca gac aat ggg gac ggc acc tac cga gtg cag tac acc gcc tac			4006
Val Thr Asp Asn Gly Asp Gly Thr Tyr Arg Val Gln Tyr Thr Ala Tyr			
1285	1290	1295	
gag gag ggc gtg cat ctg gtg gag gtc ctg tat gat gag gtc gct gtg			4054
Glu Glu Gly Val His Leu Val Glu Val Leu Tyr Asp Glu Val Ala Val			
1300	1305	1310	1315
ccc aag agc ccc ttc cga gtg ggc gtg acc gag ggc tgt gat ccc acc			4102
Pro Lys Ser Pro Phe Arg Val Gly Val Thr Glu Gly Cys Asp Pro Thr			
1320	1325	1330	
cgc gtc cga gcc ttc ggg cca ggc ctg gag ggt ggc ttg gtc aac aag			4150
Arg Val Arg Ala Phe Gly Pro Gly Leu Glu Gly Gly Leu Val Asn Lys			
1335	1340	1345	
gcc aac cga ttc act gtg gag acc agg gga gcg ggc acc ggg ggc ctt			4198
Ala Asn Arg Phe Thr Val Glu Thr Arg Gly Ala Gly Thr Gly Gly Leu			
1350	1355	1360	
ggc cta gcc atc gag ggt ccc tcg gaa gcc aag atg tcc tgc aag gac			4246
Gly Leu Ala Ile Glu Gly Pro Ser Glu Ala Lys Met Ser Cys Lys Asp			
1365	1370	1375	
aac aag gat ggt agc tgc acc gtg gag tac atc ccc ttc act cct gga			4294
Asn Lys Asp Gly Ser Cys Thr Val Glu Tyr Ile Pro Phe Thr Pro Gly			
1380	1385	1390	1395
gac tat gac gtc aac atc acc ttc ggg ggg cgg ccc atc cca ggg agc			4342
Asp Tyr Asp Val Asn Ile Thr Phe Gly Gly Arg Pro Ile Pro Gly Ser			
1400	1405	1410	
ccg ttc cgc gtg cca gtg aag gat gtg gtg gac cct ggg aag gtg aag			4390
Pro Phe Arg Val Pro Val Lys Asp Val Val Asp Pro Gly Lys Val Lys			
1415	1420	1425	
tgc tca ggg cca ggg ctg ggg gct ggt gtc agg gcc cgg gtt cct cag			4438

Cys Ser Gly Pro Gly Leu Gly Ala Gly Val Arg Ala Arg Val Pro Gln	
1430	1435
1440	
acc ttc aca gtg gac tgc agt caa gct ggc cgg gcg ccc ctg cag gtg	4486
Thr Phe Thr Val Asp Cys Ser Gln Ala Gly Arg Ala Pro Leu Gln Val	
1445	1450
1455	
gct gtg ctg ggc ccc aca ggt gtg gcc gag cct gtg gag gtg cgg gac	4534
Ala Val Leu Gly Pro Thr Gly Val Ala Glu Pro Val Glu Val Arg Asp	
1460	1465
1470	1475
aat gga gat ggc acc cac act gtc cac tac acc cca gcc act gac ggg	4582
Asn Gly Asp Gly Thr His Thr Val His Tyr Thr Pro Ala Thr Asp Gly	
1480	1485
1490	
ccc tac acg gta gcc gtc aag tat gct gac cag gag gtg cca cgc agc	4630
Pro Tyr Thr Val Ala Val Lys Tyr Ala Asp Gln Glu Val Pro Arg Ser	
1495	1500
1505	
ccc ttc aag atc aag gtc ctc cca gct cat gat gcc agc aag gtg cgg	4678
Pro Phe Lys Ile Lys Val Leu Pro Ala His Asp Ala Ser Lys Val Arg	
1510	1515
1520	
gcc agc ggg cca ggc ctc aac gcc tct ggc atc cct gcc agc ctg cct	4726
Ala Ser Gly Pro Gly Leu Asn Ala Ser Gly Ile Pro Ala Ser Leu Pro	
1525	1530
1535	
gtg gag ttc acc atc gac gca cgg gac gcg ggc gag ggg ttg ctc act	4774
Val Glu Phe Thr Ile Asp Ala Arg Asp Ala Gly Glu Gly Leu Leu Thr	
1540	1545
1550	1555
gtc cag atc ttg ggc ccc gag ggt aag ccc aag aag gcc aac atc cgg	4822
Val Gln Ile Leu Gly Pro Glu Gly Lys Pro Lys Lys Ala Asn Ile Arg	
1560	1565
1570	
gac aat ggg gat ggc acg tac gct gtg tcc tac ctg ccg gac atg agt	4870
Asp Asn Gly Asp Gly Thr Tyr Ala Val Ser Tyr Leu Pro Asp Met Ser	
1575	1580
1585	

ggc cgg tac acc atc acc atc aag tat ggc ggt gat gag atc ccc tac	4918
Gly Arg Tyr Thr Ile Thr Ile Lys Tyr Gly Gly Asp Glu Ile Pro Tyr	
1590 1595 1600	
tcg ccc ttc cgc atc cat gct ctg ccc act ggg gat gcc agc aag tgc	4966
Ser Pro Phe Arg Ile His Ala Leu Pro Thr Gly Asp Ala Ser Lys Cys	
1605 1610 1615	
ctc gtc aca gtg tcc att gga ggc cat ggc ctg ggt gcc tgc ctg ggc	5014
Leu Val Thr Val Ser Ile Gly Gly His Gly Leu Gly Ala Cys Leu Gly	
1620 1625 1630 1635	
cct cga atc cag att ggg cag gag acg gtg atc acg gtg gat gcc aag	5062
Pro Arg Ile Gln Ile Gly Gln Glu Thr Val Ile Thr Val Asp Ala Lys	
1640 1645 1650	
gca gcc ggt gag ggg aag gtg aca tgc acg gtg tcc acg ccg gat ggg	5110
Ala Ala Gly Glu Gly Lys Val Thr Cys Thr Val Ser Thr Pro Asp Gly	
1655 1660 1665	
gca gag ctc gat gtg gat gtg gtt gag aac cat gac ggt acc ttt gac	5158
Ala Glu Leu Asp Val Asp Val Val Glu Asn His Asp Gly Thr Phe Asp	
1670 1675 1680	
atc tac tac aca gcg ccc gag ccg ggc aag tac gtc atc acc atc cgc	5206
Ile Tyr Tyr Thr Ala Pro Glu Pro Gly Lys Tyr Val Ile Thr Ile Arg	
1685 1690 1695	
ttc ggg ggt gag cac atc ccc aac agc ccc ttc cac gtg ctg gcg tgt	5254
Phe Gly Gly Glu His Ile Pro Asn Ser Pro Phe His Val Leu Ala Cys	
1700 1705 1710 1715	
gac ccc ctg ccg cac gag gag gag ccc tct gaa gtg cca cag ctg cgc	5302
Asp Pro Leu Pro His Glu Glu Glu Pro Ser Glu Val Pro Gln Leu Arg	
1720 1725 1730	
cag ccc tac gct cct ccc cgg ccc ggc gcc cgc ccc aca cac tgg gcc	5350
Gln Pro Tyr Ala Pro Pro Arg Pro Gly Ala Arg Pro Thr His Trp Ala	

1735	1740	1745	
aca gag gag cca gtg gtg cct gtg gag cca atg gag tcc atg ctg agg			5398
Thr Glu Glu Pro Val Val Pro Val Glu Pro Met Glu Ser Met Leu Arg			
1750	1755	1760	
ccc ttc aac ctg gtc atc ccc ttc gcg gtg cag aaa ggg gag ctc aca			5446
Pro Phe Asn Leu Val Ile Pro Phe Ala Val Gln Lys Gly Glu Leu Thr			
1765	1770	1775	
gga gag gtg cgg atg ccc tcg ggg aag acg gca cgg ccc aac atc acc			5494
Gly Glu Val Arg Met Pro Ser Gly Lys Thr Ala Arg Pro Asn Ile Thr			
1780	1785	1790	1795
gac aac aag gac ggc acc atc acg gtg agg tat gca ccc act gag aaa			5542
Asp Asn Lys Asp Gly Thr Ile Thr Val Arg Tyr Ala Pro Thr Glu Lys			
1800	1805	1810	
ggc ctg cac cag atg ggg atc aag tat gac ggc aac cac atc cct ggg			5590
Gly Leu His Gln Met Gly Ile Lys Tyr Asp Gly Asn His Ile Pro Gly			
1815	1820	1825	
agc ccc tta cag ttc tat gtg gat gcc atc aac agc cgc cat gtc agt			5638
Ser Pro Leu Gln Phe Tyr Val Asp Ala Ile Asn Ser Arg His Val Ser			
1830	1835	1840	
gcc tat ggg cca ggc ctg agc cat ggc atg gtc aac aag cca gcc acc			5686
Ala Tyr Gly Pro Gly Leu Ser His Gly Met Val Asn Lys Pro Ala Thr			
1845	1850	1855	
ttc act att gtc acc aaa gat gct gga gaa ggg ggt ctg tca ctg gcc			5734
Phe Thr Ile Val Thr Lys Asp Ala Gly Glu Gly Gly Leu Ser Leu Ala			
1860	1865	1870	1875
gtg gag ggc cca tcc aag gca gag atc acc tgt aag gac aac aag gat			5782
Val Glu Gly Pro Ser Lys Ala Glu Ile Thr Cys Lys Asp Asn Lys Asp			
1880	1885	1890	
ggc acc tgc acc gtg tcc tat ctg ccg act gcg cct gga gac tac agc			5830

Gly Thr Cys Thr Val Ser Tyr Leu Pro Thr Ala Pro Gly Asp Tyr Ser	
1895 1900 1905	
atc atc gtg cgc ttc gat gac aag cac atc ccg ggg agc ccc ttc aca	5878
Ile Ile Val Arg Phe Asp Asp Lys His Ile Pro Gly Ser Pro Phe Thr	
1910 1915 1920	
gcc aag atc aca ggt gat gac tcc atg agg acc tca cag ctg aat gtg	5926
Ala Lys Ile Thr Gly Asp Asp Ser Met Arg Thr Ser Gln Leu Asn Val	
1925 1930 1935	
ggc acc tcc acg gac gtg tca ctg aag atc acc gag agt gat ctg agc	5974
Gly Thr Ser Thr Asp Val Ser Leu Lys Ile Thr Glu Ser Asp Leu Ser	
1940 1945 1950 1955	
cag ctg acc gcc agc atc cgt gcc ccc tcg ggc aac gag gag ccc tgc	6022
Gln Leu Thr Ala Ser Ile Arg Ala Pro Ser Gly Asn Glu Glu Pro Cys	
1960 1965 1970	
ctg ctg aag cgc ctg ccc aac cgg cac att ggg atc tcc ttc acc ccc	6070
Leu Leu Lys Arg Leu Pro Asn Arg His Ile Gly Ile Ser Phe Thr Pro	
1975 1980 1985	
aag gag gtc ggg gag cac gtg gtg agc gtg cgc aag agt ggc aag cat	6118
Lys Glu Val Gly Glu His Val Val Ser Val Arg Lys Ser Gly Lys His	
1990 1995 2000	
gtc acc aac agc ccc ttc aag atc ctg gtg ggg cca tct gag atc ggg	6166
Val Thr Asn Ser Pro Phe Lys Ile Leu Val Gly Pro Ser Glu Ile Gly	
2005 2010 2015	
gac gcc agc aag gtg cgg gtc tgg ggc aag ggg ctt tcc gag gga cac	6214
Asp Ala Ser Lys Val Arg Val Trp Gly Lys Gly Leu Ser Glu Gly His	
2020 2025 2030 2035	
aca ttc cag gtg gca gag ttc atc gtg gac act cgc aat gca ggt tat	6262
Thr Phe Gln Val Ala Glu Phe Ile Val Asp Thr Arg Asn Ala Gly Tyr	
2040 2045 2050	

ggg ggc ttg ggg ctg agt att gaa ggc cca agc aag gtg gac atc aac	6310
Gly Gly Leu Gly Leu Ser Ile Glu Gly Pro Ser Lys Val Asp Ile Asn	
2055	2060
2065	
tgt gag gac atg gag gac ggg aca tgc aaa gtc acc tac tgc ccc acc	6358
Cys Glu Asp Met Glu Asp Gly Thr Cys Lys Val Thr Tyr Cys Pro Thr	
2070	2075
2080	
gag ccc ggc acc tac atc atc aac atc aag ttt gct gac aag cac gtg	6406
Glu Pro Gly Thr Tyr Ile Ile Asn Ile Lys Phe Ala Asp Lys His Val	
2085	2090
2095	
cct gga agc ccc ttc act gtg aag gtg acc ggc gag ggc cgc atg aag	6454
Pro Gly Ser Pro Phe Thr Val Lys Val Thr Gly Glu Gly Arg Met Lys	
2100	2105
2110	2115
gag agc atc acc cgg cgg aga cag gca cct tcc atc gcc acc atc ggc	6502
Glu Ser Ile Thr Arg Arg Arg Gln Ala Pro Ser Ile Ala Thr Ile Gly	
2120	2125
2130	
agc acc tgt gac ctc aac ctc aag atc cca gga aac tgg ttc cag atg	6550
Ser Thr Cys Asp Leu Asn Leu Lys Ile Pro Gly Asn Trp Phe Gln Met	
2135	2140
2145	
gtg tct gcc cag gag cgc ctg aca cgc acc ttc aca cgc agc agc cac	6598
Val Ser Ala Gln Glu Arg Leu Thr Arg Thr Phe Thr Arg Ser Ser His	
2150	2155
2160	
acc tac acc cgc acg gag cgc acg gag atc agc aag acg cgg ggc ggg	6646
Thr Tyr Thr Arg Thr Glu Arg Thr Glu Ile Ser Lys Thr Arg Gly Gly	
2165	2170
2175	
gag aca aag ccc gag gtg cgg gtg gag gag tcc acc cag gtc ggc ggg	6694
Glu Thr Lys Pro Glu Val Arg Val Glu Glu Ser Thr Gln Val Gly Gly	
2180	2185
2190	2195
gac ccc ttc cct gct gtg ttt ggg gac ttc ctg ggc cgg gag cgc ctg	6742
Asp Pro Phe Pro Ala Val Phe Gly Asp Phe Leu Gly Arg Glu Arg Leu	

2200	2205	2210	
gga tcc ttc ggc agc atc acc cgg cag cag gag ggt gag gcc agc tct			6790
Gly Ser Phe Gly Ser Ile Thr Arg Gln Gln Glu Gly Glu Ala Ser Ser			
2215	2220	2225	
cag gac atg act gca cag glg acc agc cca tcg ggc aag gtg gaa gcc			6838
Gln Asp Met Thr Ala Gln Val Thr Ser Pro Ser Gly Lys Val Glu Ala			
2230	2235	2240	
gca gag atc gtc gag ggc gag gac agc gcc tac agc gtc cgc ttt gtg			6886
Ala Glu Ile Val Glu Gly Glu Asp Ser Ala Tyr Ser Val Arg Phe Val			
2245	2250	2255	
ccc cag gaa atg ggg ccc cat acg gtc gct gtc aag tac cgt ggc cag			6934
Pro Gln Glu Met Gly Pro His Thr Val Ala Val Lys Tyr Arg Gly Gln			
2260	2265	2270	2275
cac gtg ccc ggc agc ccc ttt cag ttc act gtg ggg ccg ctg ggt gaa			6982
His Val Pro Gly Ser Pro Phe Gln Phe Thr Val Gly Pro Leu Gly Glu			
2280	2285	2290	
ggt ggt gcc cac aag gtg cgg gcc gga cga gca ggg ctg gag cga ggt			7030
Gly Gly Ala His Lys Val Arg Ala Gly Arg Ala Gly Leu Glu Arg Gly			
2295	2300	2305	
gtg gcc ggc gtg cca gcc gag ttc agc atc tgg acc cgg gag gct ggc			7078
Val Ala Gly Val Pro Ala Glu Phe Ser Ile Trp Thr Arg Glu Ala Gly			
2310	2315	2320	
gct ggg ggc ctg tcc att gct gtg gag ggt cct agc aaa gcg gag att			7126
Ala Gly Gly Leu Ser Ile Ala Val Glu Gly Pro Ser Lys Ala Glu Ile			
2325	2330	2335	
gca ttt gag gat cgc aaa gat ggc tcc tgc ggc gtc tcc tat gtc gtc			7174
Ala Phe Glu Asp Arg Lys Asp Gly Ser Cys Gly Val Ser Tyr Val Val			
2340	2345	2350	2355
cag gaa cca ggt gac tat gag gtc tcc atc aag ttc aat gat gag cac			7222

Gln Glu Pro Gly Asp Tyr Glu Val Ser Ile Lys Phe Asn Asp Glu His	
2360	2365
2370	
atc cca gac agc ccc ttt gtg gtg cct gtg gcc tcc ctc tcg gat gac	7270
Ile Pro Asp Ser Pro Phe Val Val Pro Val Ala Ser Leu Ser Asp Asp	
2375	2380
2385	
gct cgc cgt ctc act gtc acc agc ctc cag gag acg ggg ctc aag gtg	7318
Ala Arg Arg Leu Thr Val Thr Ser Leu Gln Glu Thr Gly Leu Lys Val	
2390	2395
2400	
aac cag cca gcg tcc ttt gcc gtg cag ctg aac ggt gcc cgg ggc gtg	7366
Asn Gln Pro Ala Ser Phe Ala Val Gln Leu Asn Gly Ala Arg Gly Val	
2405	2410
2415	
att gat gcc cgg gtg cac aca ccc tcg ggg gct gtg gag gag tgc tac	7414
Ile Asp Ala Arg Val His Thr Pro Ser Gly Ala Val Glu Glu Cys Tyr	
2420	2425
2430	2435
gtc tct gag ctg gac agt gac aag cac acc atc cgc ttc atc ccc cac	7462
Val Ser Glu Leu Asp Ser Asp Lys His Thr Ile Arg Phe Ile Pro His	
2440	2445
2450	
gag aat ggc gtc cac tcc atc gat gtc aag ttc aac ggt gcc cac atc	7510
Glu Asn Gly Val His Ser Ile Asp Val Lys Phe Asn Gly Ala His Ile	
2455	2460
2465	
cct gga agt ccc ttc aag atc cgc gtt ggg gag cag agc cag gct ggg	7558
Pro Gly Ser Pro Phe Lys Ile Arg Val Gly Glu Gln Ser Gln Ala Gly	
2470	2475
2480	
gac cca ggc ttg gtg tca gcc tac ggt cct ggg ctc gag gga ggc act	7606
Asp Pro Gly Leu Val Ser Ala Tyr Gly Pro Gly Leu Glu Gly Gly Thr	
2485	2490
2495	
acc ggt gtg tca tca gag ttc atc gtg aac acc ctg aat gcc ggc tcg	7654
Thr Gly Val Ser Ser Glu Phe Ile Val Asn Thr Leu Asn Ala Gly Ser	
2500	2505
2510	2515

ggg gcc ttg tct gtc acc att gat ggc ccc tcc aag gtg cag ctg gac	7702
Gly Ala Leu Ser Val Thr Ile Asp Gly Pro Ser Lys Val Gln Leu Asp	
2520 2525 2530	
tgt cgg gag tgt cct gag ggc cat gtg gtc act tat act ccc atg gcc	7750
Cys Arg Glu Cys Pro Glu Gly His Val Val Thr Tyr Thr Pro Met Ala	
2535 2540 2545	
cct ggc aac tac ctc att gcc atc aag tac ggt ggc ccc cag cac atc	7798
Pro Gly Asn Tyr Leu Ile Ala Ile Lys Tyr Gly Gly Pro Gln His Ile	
2550 2555 2560	
gtg ggc agc ccc ttc aag gcc aag gtc act ggt ccg agg ctg tcc gga	7846
Val Gly Ser Pro Phe Lys Ala Lys Val Thr Gly Pro Arg Leu Ser Gly	
2565 2570 2575	
ggc cac agc ctt cac gaa aca tcc acg gtt ctg gtg gag act gtg acc	7894
Gly His Ser Leu His Glu Thr Ser Thr Val Leu Val Glu Thr Val Thr	
2580 2585 2590 2595	
aag tcc tcc tca agc cgg ggc tcc agc tac agc tcc atc ccc aag ttc	7942
Lys Ser Ser Ser Ser Arg Gly Ser Ser Tyr Ser Ser Ile Pro Lys Phe	
2600 2605 2610	
tcc tca gat gcc agc aag gtg gtg act cgg ggc cct ggg ctg tcc cag	7990
Ser Ser Asp Ala Ser Lys Val Val Thr Arg Gly Pro Gly Leu Ser Gln	
2615 2620 2625	
gcc ttc gtg ggc cag aag aac tcc ttc acc gtg gac tgc agc aaa gca	8038
Ala Phe Val Gly Gln Lys Asn Ser Phe Thr Val Asp Cys Ser Lys Ala	
2630 2635 2640	
ggc acc aac atg atg atg gtg ggc gtg cac ggc ccc aag acc ccc tgt	8086
Gly Thr Asn Met Met Met Val Gly Val His Gly Pro Lys Thr Pro Cys	
2645 2650 2655	
gag gag gtg tac gtg aag cac atg ggg aac cgg gtg tac aat gtc acc	8134
Glu Glu Val Tyr Val Lys His Met Gly Asn Arg Val Tyr Asn Val Thr	

2660	2665	2670	2675	
tac act gtc aag gag aaa ggg gac tac atc ctc att gtc aag tgg ggt				8182
Tyr Thr Val Lys Glu Lys Gly Asp Tyr Ile Leu Ile Val Lys Trp Gly				
	2680	2685	2690	
	gac gaa agt gtc cct gga agc ccc ttc aaa gtc aag gtc cct			8224
Asp Glu Ser Val Pro Gly Ser Pro Phe Lys Val Lys Val Pro				
	2695	2700	2705	
tgaatcccaa aagtgcctcc ccagcctcag cccccacctc cagccacaca cacattacac				8284
acacacacac acacacacaa atgtgccaca cccagacacg cacagaatca gacactacaa				8344
acacctgcct tgggggtgaa gtgaaggccc agcctcccca cccaccgcg cccaggggt				8404
tggaggacct tgtctgtgtc agacagtgtc cctccctgga atgtgacatg aggccgactg				8464
gggccaggct caggggcaga ggctgggaca caaggggctg gcgagggtg cgaggccagg				8524
gaagccctga gtttctggcg gggctgagca gtgggggagc attgtgttgt ggggtgtctgt				8584
gtgtgaggtc accctcaaac tgcaccgccg gccagatacc ctcctgacct cgaggacttg				8644
gtctggtctc tctggtggct acaaccccag agttttaagg acttggaag gaagcacaat				8704
cagagaagaa aacagcccc aaccagcagg agcggcctgg cacatggacc ggcctgagcg				8764
atgtgcactc cacccaagcc aggctcccag ggggcctgat ttctctctca ctgtctcttt				8824
ttttaaatg gttgcacggc tctgccccat ggggggcctt ttttacacac tgcgaggccc				8884
agctttctag gggacttttg cacatgtcat gcagctcagc tgggagctgc ttaggtggaa				8944
aactccaaat aaagtgcgcc tgtcgcc				8971

【 0 3 6 9 】

<210> 44

<211> 2705

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 44

Met Pro Ser Thr Glu Lys Asp Leu Ala Glu Asp Ala Pro Trp Lys Lys

1

5

10

15

Ile Gln Gln Asn Thr Phe Thr Arg Trp Cys Asn Glu His Leu Lys Cys

20	25	30
Val Gly Lys Arg Leu Thr Asp Leu Gln Arg Asp Leu Ser Asp Gly Leu		
35	40	45
Arg Leu Ile Ala Leu Leu Glu Val Leu Ser Gln Lys Arg Met Tyr Arg		
50	55	60
Lys Phe His Pro Arg Pro Asn Phe Arg Gln Met Lys Leu Glu Asn Val		
65	70	75
Ser Val Ala Leu Glu Phe Leu Glu Arg Glu His Ile Lys Leu Val Ser		
85	90	95
Ile Asp Ser Lys Ala Ile Val Asp Gly Asn Leu Lys Leu Ile Leu Gly		
100	105	110
Leu Ile Trp Thr Leu Ile Leu His Tyr Ser Ile Ser Met Pro Met Trp		
115	120	125
Glu Asp Glu Asp Asp Glu Asp Ala Arg Lys Gln Thr Pro Lys Gln Arg		
130	135	140
Leu Leu Gly Trp Ile Gln Asn Lys Val Pro Gln Leu Pro Ile Thr Asn		
145	150	155
Phe Asn Arg Asp Trp Gln Asp Gly Lys Ala Leu Gly Ala Leu Val Asp		
165	170	175
Asn Cys Ala Pro Gly Leu Cys Pro Asp Trp Glu Ala Trp Asp Pro Asn		
180	185	190
Gln Pro Val Glu Asn Ser Arg Glu Ala Met Gln Gln Ala Asp Asp Trp		
195	200	205
Leu Gly Val Pro Gln Val Ile Ala Pro Glu Glu Ile Val Asp Pro Asn		
210	215	220
Val Asp Glu His Ser Val Met Thr Tyr Leu Ser Gln Phe Pro Lys Ala		
225	230	235
Lys Leu Lys Pr Gly Ala Pro Val Arg Ser Lys Gln Leu Asn Pro Lys		
245	250	255

Lys Ala Ile Ala Tyr Gly Pro Gly Ile Glu Pro Gln Gly Asn Thr Val
 260 265 270
 Leu Gln Pro Ala His Phe Thr Val Gln Thr Val Asp Ala Gly Val Gly
 275 280 285
 Glu Val Leu Val Tyr Ile Glu Asp Pro Glu Gly His Thr Glu Glu Ala
 290 295 300
 Lys Val Val Pro Asn Asn Asp Lys Asp Arg Thr Tyr Ala Val Ser Tyr
 305 310 315 320
 Val Pro Lys Val Ala Gly Leu His Lys Val Thr Val Leu Phe Ala Gly
 325 330 335
 Gln Asn Ile Glu Arg Ser Pro Phe Glu Val Asn Val Gly Met Ala Leu
 340 345 350
 Gly Asp Ala Asn Lys Val Ser Ala Arg Gly Pro Gly Leu Glu Pro Val
 355 360 365
 Gly Asn Val Ala Asn Lys Pro Thr Tyr Phe Asp Ile Tyr Thr Ala Gly
 370 375 380
 Ala Gly Thr Gly Asp Val Ala Val Val Ile Val Asp Pro Gln Gly Arg
 385 390 395 400
 Arg Asp Thr Val Glu Val Ala Leu Glu Asp Lys Gly Asp Ser Thr Phe
 405 410 415
 Arg Cys Thr Tyr Arg Pro Ala Met Glu Gly Pro His Thr Val His Val
 420 425 430
 Ala Phe Ala Gly Ala Pro Ile Thr Arg Ser Pro Phe Pro Val His Val
 435 440 445
 Ser Glu Ala Cys Asn Pro Asn Ala Cys Arg Ala Ser Gly Arg Gly Leu
 450 455 460
 Gln Pro Lys Gly Val Arg Val Lys Glu Val Ala Asp Phe Lys Val Phe
 465 470 475 480
 Thr Lys Gly Ala Gly Ser Gly Glu Leu Lys Val Thr Val Lys Gly Pro

485	490	495
Lys Gly Thr Glu Glu Pro Val Lys Val Arg Glu Ala Gly Asp Gly Val		
500	505	510
Phe Glu Cys Glu Tyr Tyr Pro Val Val Pro Gly Lys Tyr Val Val Thr		
515	520	525
Ile Thr Trp Gly Gly Tyr Ala Ile Pro Arg Ser Pro Phe Glu Val Gln		
530	535	540
Val Ser Pro Glu Ala Gly Val Gln Lys Val Arg Ala Trp Gly Pro Gly		
545	550	555
Leu Glu Thr Gly Gln Val Gly Lys Ser Ala Asp Phe Val Val Glu Ala		
565	570	575
Ile Gly Thr Glu Val Gly Thr Leu Gly Phe Ser Ile Glu Gly Pro Ser		
580	585	590
Gln Ala Lys Ile Glu Cys Asp Asp Lys Gly Asp Gly Ser Cys Asp Val		
595	600	605
Arg Tyr Trp Pro Thr Glu Pro Gly Glu Tyr Ala Val His Val Ile Cys		
610	615	620
Asp Asp Glu Asp Ile Arg Asp Ser Pro Phe Ile Ala His Ile Leu Pro		
625	630	635
Ala Pro Pro Asp Cys Phe Pro Asp Lys Val Lys Ala Phe Gly Pro Gly		
645	650	655
Leu Glu Pro Thr Gly Cys Ile Val Asp Lys Pro Ala Glu Phe Thr Ile		
660	665	670
Asp Ala Arg Ala Ala Gly Lys Gly Asp Leu Lys Leu Tyr Ala Gln Asp		
675	680	685
Ala Asp Gly Cys Pro Ile Asp Ile Lys Val Ile Pro Asn Gly Asn Gly		
690	695	700
Thr Phe Arg Cys Ser Tyr Val Pro Thr Lys Pro Ile Lys His Thr Ile		
705	710	715
		720

Ile Ile Ser Trp Gly Gly Val Asn Val Pro Lys Ser Pro Phe Arg Val			
725	730	735	
Asn Val Gly Glu Gly Ser His Pro Glu Arg Val Lys Val Tyr Gly Pro			
740	745	750	
Gly Val Glu Lys Thr Gly Leu Lys Ala Asn Glu Pro Thr Tyr Phe Thr			
755	760	765	
Val Asp Cys Ser Glu Ala Gly Gln Gly Asp Val Ser Ile Gly Ile Lys			
770	775	780	
Cys Ala Pro Gly Val Val Gly Pro Ala Glu Ala Asp Ile Asp Phe Asp			
785	790	795	800
Ile Ile Lys Asn Asp Asn Asp Thr Phe Thr Val Lys Tyr Thr Pro Pro			
805	810	815	
Gly Ala Gly Arg Tyr Thr Ile Met Val Leu Phe Ala Asn Gln Glu Ile			
820	825	830	
Pro Ala Ser Pro Phe His Ile Lys Val Asp Pro Ser His Asp Ala Ser			
835	840	845	
Lys Val Lys Ala Glu Gly Pro Gly Leu Asn Arg Thr Gly Val Glu Val			
850	855	860	
Gly Lys Pro Thr His Phe Thr Val Leu Thr Lys Gly Ala Gly Lys Ala			
865	870	875	880
Lys Leu Asp Val Gln Phe Ala Gly Thr Ala Lys Gly Glu Val Val Arg			
885	890	895	
Asp Phe Glu Ile Ile Asp Asn His Asp Tyr Ser Tyr Thr Val Lys Tyr			
900	905	910	
Thr Ala Val Gln Gln Gly Asn Met Ala Val Thr Val Thr Tyr Gly Gly			
915	920	925	
Asp Pro Val Pro Lys Ser Pro Phe Val Val Asn Val Ala Pro Pro Leu			
930	935	940	
Asp Leu Ser Lys Ile Lys Val Gln Gly Leu Asn Ser Lys Val Ala Val			

945	950	955	960
Gly Gln Glu Gln Ala Phe Ser Val Asn Thr Arg Gly Ala Gly Gly Gln			
965	970	975	
Gly Gln Leu Asp Val Arg Met Thr Ser Pro Ser Arg Arg Pro Ile Pro			
980	985	990	
Cys Lys Leu Glu Pro Gly Gly Gly Ala Glu Ala Gln Ala Val Arg Tyr			
995	1000	1005	
Met Pro Pro Glu Glu Gly Pro Tyr Lys Val Asp Ile Thr Tyr Asp Gly			
1010	1015	1020	
His Pro Val Pro Gly Ser Pro Phe Ala Val Glu Gly Val Leu Pro Pro			
1025	1030	1035	1040
Asp Pro Ser Lys Val Cys Ala Tyr Gly Pro Gly Leu Lys Gly Gly Leu			
1045	1050	1055	
Val Gly Thr Pro Ala Pro Phe Ser Ile Asp Thr Lys Gly Ala Gly Thr			
1060	1065	1070	
Gly Gly Leu Gly Leu Thr Val Glu Gly Pro Cys Glu Ala Lys Ile Glu			
1075	1080	1085	
Cys Gln Asp Asn Gly Asp Gly Ser Cys Ala Val Ser Tyr Leu Pro Thr			
1090	1095	1100	
Glu Pro Gly Glu Tyr Thr Ile Asn Ile Leu Phe Ala Glu Ala His Ile			
1105	1110	1115	1120
Pro Gly Ser Pro Phe Lys Ala Thr Ile Arg Pro Val Phe Asp Pro Ser			
1125	1130	1135	
Lys Val Arg Ala Ser Gly Pro Gly Leu Glu Arg Gly Lys Val Gly Glu			
1140	1145	1150	
Ala Ala Thr Phe Thr Val Asp Cys Ser Glu Ala Gly Glu Ala Glu Leu			
1155	1160	1165	
Thr Ile Glu Ile Leu Ser Asp Ala Gly Val Lys Ala Glu Val Leu Ile			
1170	1175	1180	

His Asn Asn Ala Asp Gly Thr Tyr His Ile Thr Tyr Ser Pro Ala Phe			
1185	1190	1195	1200
Pro Gly Thr Tyr Thr Ile Thr Ile Lys Tyr Gly Gly His Pro Val Pro			
	1205	1210	1215
Lys Phe Pro Thr Arg Val His Val Gln Pro Ala Val Asp Thr Ser Gly			
	1220	1225	1230
Val Lys Val Ser Gly Pro Gly Val Glu Pro His Gly Val Leu Arg Glu			
	1235	1240	1245
Val Thr Thr Glu Phe Thr Val Asp Ala Arg Ser Leu Thr Ala Thr Gly			
	1250	1255	1260
Gly Asn His Val Thr Ala Arg Val Leu Asn Pro Ser Gly Ala Lys Thr			
1265	1270	1275	1280
Asp Thr Tyr Val Thr Asp Asn Gly Asp Gly Thr Tyr Arg Val Gln Tyr			
	1285	1290	1295
Thr Ala Tyr Glu Glu Gly Val His Leu Val Glu Val Leu Tyr Asp Glu			
	1300	1305	1310
Val Ala Val Pro Lys Ser Pro Phe Arg Val Gly Val Thr Glu Gly Cys			
	1315	1320	1325
Asp Pro Thr Arg Val Arg Ala Phe Gly Pro Gly Leu Glu Gly Gly Leu			
	1330	1335	1340
Val Asn Lys Ala Asn Arg Phe Thr Val Glu Thr Arg Gly Ala Gly Thr			
1345	1350	1355	1360
Gly Gly Leu Gly Leu Ala Ile Glu Gly Pro Ser Glu Ala Lys Met Ser			
	1365	1370	1375
Cys Lys Asp Asn Lys Asp Gly Ser Cys Thr Val Glu Tyr Ile Pro Phe			
	1380	1385	1390
Thr Pr Gly Asp Tyr Asp Val Asn Ile Thr Phe Gly Gly Arg Pro Ile			
	1395	1400	1405
Pro Gly Ser Pro Phe Arg Val Pro Val Lys Asp Val Val Asp Pro Gly			

1410	1415	1420	
Lys Val Lys Cys Ser Gly Pro Gly Leu Gly Ala Gly Val Arg Ala Arg			
1425	1430	1435	1440
Val Pro Gln Thr Phe Thr Val Asp Cys Ser Gln Ala Gly Arg Ala Pro			
1445	1450	1455	
Leu Gln Val Ala Val Leu Gly Pro Thr Gly Val Ala Glu Pro Val Glu			
1460	1465	1470	
Val Arg Asp Asn Gly Asp Gly Thr His Thr Val His Tyr Thr Pro Ala			
1475	1480	1485	
Thr Asp Gly Pro Tyr Thr Val Ala Val Lys Tyr Ala Asp Gln Glu Val			
1490	1495	1500	
Pro Arg Ser Pro Phe Lys Ile Lys Val Leu Pro Ala His Asp Ala Ser			
1505	1510	1515	1520
Lys Val Arg Ala Ser Gly Pro Gly Leu Asn Ala Ser Gly Ile Pro Ala			
1525	1530	1535	
Ser Leu Pro Val Glu Phe Thr Ile Asp Ala Arg Asp Ala Gly Glu Gly			
1540	1545	1550	
Leu Leu Thr Val Gln Ile Leu Gly Pro Glu Gly Lys Pro Lys Lys Ala			
1555	1560	1565	
Asn Ile Arg Asp Asn Gly Asp Gly Thr Tyr Ala Val Ser Tyr Leu Pro			
1570	1575	1580	
Asp Met Ser Gly Arg Tyr Thr Ile Thr Ile Lys Tyr Gly Gly Asp Glu			
1585	1590	1595	1600
Ile Pro Tyr Ser Pro Phe Arg Ile His Ala Leu Pro Thr Gly Asp Ala			
1605	1610	1615	
Ser Lys Cys Leu Val Thr Val Ser Ile Gly Gly His Gly Leu Gly Ala			
1620	1625	1630	
Cys Leu Gly Pro Arg Ile Gln Ile Gly Gln Glu Thr Val Ile Thr Val			
1635	1640	1645	

Asp Ala Lys Ala Ala Gly Glu Gly Lys Val Thr Cys Thr Val Ser Thr			
1650	1655	1660	
Pro Asp Gly Ala Glu Leu Asp Val Asp Val Val Glu Asn His Asp Gly			
1665	1670	1675	1680
Thr Phe Asp Ile Tyr Tyr Thr Ala Pro Glu Pro Gly Lys Tyr Val Ile			
	1685	1690	1695
Thr Ile Arg Phe Gly Gly Glu His Ile Pro Asn Ser Pro Phe His Val			
1700	1705	1710	
Leu Ala Cys Asp Pro Leu Pro His Glu Glu Glu Pro Ser Glu Val Pro			
1715	1720	1725	
Gln Leu Arg Gln Pro Tyr Ala Pro Pro Arg Pro Gly Ala Arg Pro Thr			
1730	1735	1740	
His Trp Ala Thr Glu Glu Pro Val Val Pro Val Glu Pro Met Glu Ser			
1745	1750	1755	1760
Met Leu Arg Pro Phe Asn Leu Val Ile Pro Phe Ala Val Gln Lys Gly			
	1765	1770	1775
Glu Leu Thr Gly Glu Val Arg Met Pro Ser Gly Lys Thr Ala Arg Pro			
1780	1785	1790	
Asn Ile Thr Asp Asn Lys Asp Gly Thr Ile Thr Val Arg Tyr Ala Pro			
1795	1800	1805	
Thr Glu Lys Gly Leu His Gln Met Gly Ile Lys Tyr Asp Gly Asn His			
1810	1815	1820	
Ile Pro Gly Ser Pro Leu Gln Phe Tyr Val Asp Ala Ile Asn Ser Arg			
1825	1830	1835	1840
His Val Ser Ala Tyr Gly Pro Gly Leu Ser His Gly Met Val Asn Lys			
	1845	1850	1855
Pro Ala Thr Phe Thr Ile Val Thr Lys Asp Ala Gly Glu Gly Gly Leu			
1860	1865	1870	
Ser Leu Ala Val Glu Gly Pro Ser Lys Ala Glu Ile Thr Cys Lys Asp			

1875	1880	1885	
Asn Lys Asp Gly Thr Cys Thr Val Ser Tyr Leu Pro Thr Ala Pro Gly			
1890	1895	1900	
Asp Tyr Ser Ile Ile Val Arg Phe Asp Asp Lys His Ile Pro Gly Ser			
1905	1910	1915	1920
Pro Phe Thr Ala Lys Ile Thr Gly Asp Asp Ser Met Arg Thr Ser Gln			
1925	1930	1935	
Leu Asn Val Gly Thr Ser Thr Asp Val Ser Leu Lys Ile Thr Glu Ser			
1940	1945	1950	
Asp Leu Ser Gln Leu Thr Ala Ser Ile Arg Ala Pro Ser Gly Asn Glu			
1955	1960	1965	
Glu Pro Cys Leu Leu Lys Arg Leu Pro Asn Arg His Ile Gly Ile Ser			
1970	1975	1980	
Phe Thr Pro Lys Glu Val Gly Glu His Val Val Ser Val Arg Lys Ser			
1985	1990	1995	2000
Gly Lys His Val Thr Asn Ser Pro Phe Lys Ile Leu Val Gly Pro Ser			
2005	2010	2015	
Glu Ile Gly Asp Ala Ser Lys Val Arg Val Trp Gly Lys Gly Leu Ser			
2020	2025	2030	
Glu Gly His Thr Phe Gln Val Ala Glu Phe Ile Val Asp Thr Arg Asn			
2035	2040	2045	
Ala Gly Tyr Gly Gly Leu Gly Leu Ser Ile Glu Gly Pro Ser Lys Val			
2050	2055	2060	
Asp Ile Asn Cys Glu Asp Met Glu Asp Gly Thr Cys Lys Val Thr Tyr			
2065	2070	2075	2080
Cys Pro Thr Glu Pro Gly Thr Tyr Ile Ile Asn Ile Lys Phe Ala Asp			
2085	2090	2095	
Lys His Val Pro Gly Ser Pro Phe Thr Val Lys Val Thr Gly Glu Gly			
2100	2105	2110	

Arg Met Lys Glu Ser Ile Thr Arg Arg Arg Gln Ala Pro Ser Ile Ala			
2115	2120	2125	
Thr Ile Gly Ser Thr Cys Asp Leu Asn Leu Lys Ile Pro Gly Asn Trp			
2130	2135	2140	
Phe Gln Met Val Ser Ala Gln Glu Arg Leu Thr Arg Thr Phe Thr Arg			
2145	2150	2155	2160
Ser Ser His Thr Tyr Thr Arg Thr Glu Arg Thr Glu Ile Ser Lys Thr			
2165	2170	2175	
Arg Gly Gly Glu Thr Lys Pro Glu Val Arg Val Glu Glu Ser Thr Gln			
2180	2185	2190	
Val Gly Gly Asp Pro Phe Pro Ala Val Phe Gly Asp Phe Leu Gly Arg			
2195	2200	2205	
Glu Arg Leu Gly Ser Phe Gly Ser Ile Thr Arg Gln Gln Glu Gly Glu			
2210	2215	2220	
Ala Ser Ser Gln Asp Met Thr Ala Gln Val Thr Ser Pro Ser Gly Lys			
2225	2230	2235	2240
Val Glu Ala Ala Glu Ile Val Glu Gly Glu Asp Ser Ala Tyr Ser Val			
2245	2250	2255	
Arg Phe Val Pro Gln Glu Met Gly Pro His Thr Val Ala Val Lys Tyr			
2260	2265	2270	
Arg Gly Gln His Val Pro Gly Ser Pro Phe Gln Phe Thr Val Gly Pro			
2275	2280	2285	
Leu Gly Glu Gly Gly Ala His Lys Val Arg Ala Gly Arg Ala Gly Leu			
2290	2295	2300	
Glu Arg Gly Val Ala Gly Val Pro Ala Glu Phe Ser Ile Trp Thr Arg			
2305	2310	2315	2320
Glu Ala Gly Ala Gly Gly Leu Ser Ile Ala Val Glu Gly Pro Ser Lys			
2325	2330	2335	
Ala Glu Ile Ala Phe Glu Asp Arg Lys Asp Gly Ser Cys Gly Val Ser			

2340	2345	2350	
Tyr Val Val Gln Glu Pro Gly Asp Tyr Glu Val Ser Ile Lys Phe Asn			
2355	2360	2365	
Asp Glu His Ile Pro Asp Ser Pro Phe Val Val Pro Val Ala Ser Leu			
2370	2375	2380	
Ser Asp Asp Ala Arg Arg Leu Thr Val Thr Ser Leu Gln Glu Thr Gly			
2385	2390	2395	2400
Leu Lys Val Asn Gln Pro Ala Ser Phe Ala Val Gln Leu Asn Gly Ala			
2405	2410	2415	
Arg Gly Val Ile Asp Ala Arg Val His Thr Pro Ser Gly Ala Val Glu			
2420	2425	2430	
Glu Cys Tyr Val Ser Glu Leu Asp Ser Asp Lys His Thr Ile Arg Phe			
2435	2440	2445	
Ile Pro His Glu Asn Gly Val His Ser Ile Asp Val Lys Phe Asn Gly			
2450	2455	2460	
Ala His Ile Pro Gly Ser Pro Phe Lys Ile Arg Val Gly Glu Gln Ser			
2465	2470	2475	2480
Gln Ala Gly Asp Pro Gly Leu Val Ser Ala Tyr Gly Pro Gly Leu Glu			
2485	2490	2495	
Gly Gly Thr Thr Gly Val Ser Ser Glu Phe Ile Val Asn Thr Leu Asn			
2500	2505	2510	
Ala Gly Ser Gly Ala Leu Ser Val Thr Ile Asp Gly Pro Ser Lys Val			
2515	2520	2525	
Gln Leu Asp Cys Arg Glu Cys Pro Glu Gly His Val Val Thr Tyr Thr			
2530	2535	2540	
Pro Met Ala Pro Gly Asn Tyr Leu Ile Ala Ile Lys Tyr Gly Gly Pro			
2545	2550	2555	2560
Gln His Ile Val Gly Ser Pro Phe Lys Ala Lys Val Thr Gly Pro Arg			
2565	2570	2575	

Leu Ser Gly Gly His Ser Leu His Glu Thr Ser Thr Val Leu Val Glu

2580

2585

2590

Thr Val Thr Lys Ser Ser Ser Ser Arg Gly Ser Ser Tyr Ser Ser Ile

2595

2600

2605

Pro Lys Phe Ser Ser Asp Ala Ser Lys Val Val Thr Arg Gly Pro Gly

2610

2615

2620

Leu Ser Gln Ala Phe Val Gly Gln Lys Asn Ser Phe Thr Val Asp Cys

2625

2630

2635

2640

Ser Lys Ala Gly Thr Asn Met Met Met Val Gly Val His Gly Pro Lys

2645

2650

2655

Thr Pro Cys Glu Glu Val Tyr Val Lys His Met Gly Asn Arg Val Tyr

2660

2665

2670

Asn Val Thr Tyr Thr Val Lys Glu Lys Gly Asp Tyr Ile Leu Ile Val

2675

2680

2685

Lys Trp Gly Asp Glu Ser Val Pro Gly Ser Pro Phe Lys Val Lys Val

2690

2695

2700

Pro

2705

【 0 3 7 0 】

<210> 45

<211> 2016

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (210)..(1352)

<400> 45

ggcacgagga gcagcgcccg cgccctccgc gccttctccg ccgggacctc gagcgaaaga 60

cgcccgcccg ccgccagcc ctgcctccc tgcccaccgg gccccaccgc ccgccacccc 120

gaccccgctg cgacggcct gtccgctgca caccagcttg ttggcgtctt cgtcgccgcg 180
ctcgccccgg gctactcctg cgcgccaca atg agc tcc cgc atc gcc agg gcg 233
Met Ser Ser Arg Ile Ala Arg Ala
1 5
ctc gcc tta gtc gtc acc ctt ctc cac ttg acc agg ctg gcg ctc tcc 281
Leu Ala Leu Val Val Thr Leu Leu His Leu Thr Arg Leu Ala Leu Ser
10 15 20
acc tgc ccc gct gcc tgc cac tgc ccc ctg gag gcg ccc aag tgc gcg 329
Thr Cys Pro Ala Ala Cys His Cys Pro Leu Glu Ala Pro Lys Cys Ala
25 30 35 40
ccg gga gtc ggg ctg gtc cgg gac ggc tgc ggc tgc tgt aag gtc tgc 377
Pro Gly Val Gly Leu Val Arg Asp Gly Cys Gly Cys Cys Lys Val Cys
45 50 55
gcc aag cag ctc aac gag gac tgc agc aaa acg cag ccc tgc gac cac 425
Ala Lys Gln Leu Asn Glu Asp Cys Ser Lys Thr Gln Pro Cys Asp His
60 65 70
acc aag ggg ctg gaa tgc aac ttc ggc gcc agc tcc acc gct ctg aag 473
Thr Lys Gly Leu Glu Cys Asn Phe Gly Ala Ser Ser Thr Ala Leu Lys
75 80 85
ggg atc tgc aga gct cag tca gag ggc aga ccc tgt gaa tat aac tcc 521
Gly Ile Cys Arg Ala Gln Ser Glu Gly Arg Pro Cys Glu Tyr Asn Ser
90 95 100
aga atc tac caa aac ggg gaa agt ttc cag ccc aac tgt aaa cat cag 569
Arg Ile Tyr Gln Asn Gly Glu Ser Phe Gln Pro Asn Cys Lys His Gln
105 110 115 120
tgc aca tgt att gat ggc gcc gtg ggc tgc att cct ctg tgt ccc caa 617
Cys Thr Cys Ile Asp Gly Ala Val Gly Cys Ile Pro Leu Cys Pro Gln
125 130 135
gaa cta tct ctc ccc aac ttg ggc tgt ccc aac cct cgg ctg gtc aaa 665

Glu	Leu	Ser	Leu	Pro	Asn	Leu	Gly	Cys	Pro	Asn	Pro	Arg	Leu	Val	Lys		
140				145				150									
gtt	acc	ggg	cag	tgc	tgc	gag	gag	tgg	gtc	tgt	gac	gag	gat	agt	atc	713	
Val	Thr	Gly	Gln	Cys	Cys	Glu	Glu	Trp	Val	Cys	Asp	Glu	Asp	Ser	Ile		
155				160				165									
aag	gac	ccc	atg	gag	gac	cag	gac	ggc	ctc	ctt	ggc	aag	gag	ctg	gga	761	
Lys	Asp	Pro	Met	Glu	Asp	Gln	Asp	Gly	Leu	Leu	Gly	Lys	Glu	Leu	Gly		
170				175				180									
ttc	gat	gcc	tcc	gag	gtg	gag	ttg	acg	aga	aac	aat	gaa	ttg	att	gca	809	
Phe	Asp	Ala	Ser	Glu	Val	Glu	Leu	Thr	Arg	Asn	Asn	Glu	Leu	Ile	Ala		
185				190				195				200					
gtt	gga	aaa	ggc	agc	tca	ctg	aag	cgg	ctc	cct	gtt	ttt	gga	atg	gag	857	
Val	Gly	Lys	Gly	Ser	Ser	Leu	Lys	Arg	Leu	Pro	Val	Phe	Gly	Met	Glu		
205				210				215									
cct	cgc	atc	cta	tac	aac	cct	tta	caa	ggc	cag	aaa	tgt	att	gtt	caa	905	
Pro	Arg	Ile	Leu	Tyr	Asn	Pro	Leu	Gln	Gly	Gln	Lys	Cys	Ile	Val	Gln		
220				225				230									
aca	act	tca	tgg	tcc	cag	tgc	tca	aag	acc	tgt	gga	act	ggt	atc	tcc	953	
Thr	Thr	Ser	Trp	Ser	Gln	Cys	Ser	Lys	Thr	Cys	Gly	Thr	Gly	Ile	Ser		
235				240				245									
aca	cga	gtt	acc	aat	gac	aac	cct	gag	tgc	cgc	ctt	gtg	aaa	gaa	acc	1001	
Thr	Arg	Val	Thr	Asn	Asp	Asn	Pro	Glu	Cys	Arg	Leu	Val	Lys	Glu	Thr		
250				255				260									
cgg	att	tgt	gag	gtg	cgg	cct	tgt	gga	cag	cca	gtg	tac	agc	agc	ctg	1049	
Arg	Ile	Cys	Glu	Val	Arg	Pro	Cys	Gly	Gln	Pro	Val	Tyr	Ser	Ser	Leu		
265				270				275				280					
aaa	aag	ggc	aag	aaa	tgc	agc	aag	acc	aag	aaa	tcc	ccc	gaa	cca	gtc	1097	
Lys	Lys	Gly	Lys	Lys	Cys	Ser	Lys	Thr	Lys	Lys	Ser	Pro	Glu	Pr	Val		
285				290				295									

agg ttt act tac gct gga tgt ttg agt gtg aag aaa tac cgg ccc aag 1145
 Arg Phe Thr Tyr Ala Gly Cys Leu Ser Val Lys Lys Tyr Arg Pro Lys
 300 305 310

tac tgc ggt tcc tgc gtg gac ggc cga tgc tgc acg ccc cag ctg acc 1193
 Tyr Cys Gly Ser Cys Val Asp Gly Arg Cys Cys Thr Pro Gln Leu Thr
 315 320 325

agg act gtg aag atg cgg ttc cgc tgc gaa gat ggg gag aca ttt tcc 1241
 Arg Thr Val Lys Met Arg Phe Arg Cys Glu Asp Gly Glu Thr Phe Ser
 330 335 340

aag aac gtc atg atg atc cag tcc tgc aaa tgc aac tac aac tgc ccg 1289
 Lys Asn Val Met Met Ile Gln Ser Cys Lys Cys Asn Tyr Asn Cys Pro
 345 350 355 360

cat gcc aat gaa gca gcg ttt ccc ttc tac agg ctg ttc aat gac att 1337
 His Ala Asn Glu Ala Ala Phe Pro Phe Tyr Arg Leu Phe Asn Asp Ile
 365 370 375

cac aaa ttt agg gac taaatgctac ctgggtttcc agggcacacc tagacaaaca 1392
 His Lys Phe Arg Asp
 380

agggagaaga gtgtcagaat cagaatcatg gagaaaatgg gcgggggtgg tgtgggtgat 1452
 gggactcatt gtagaaagga agccttgctc attcttgagg agcattaagg tatttcgaaa 1512
 ctgccaaggg tgctgggtgcg gatggacact aatgcagcca cgattggaga atacctttgct 1572
 tcatagtatt ggagcacatg ttactgcttc attttggagc ttgtggagtt gatgactttc 1632
 tgttttctgt ttgtaaatta ttgctaagc atattttctc taggcttttt tccttttggg 1692
 gtictacagt cgtaaaagag ataataagat tagttggaca gtttaaagct tttattcgctc 1752
 ctttgacaaa agtaaatggg agggcattcc atcccttcct gaagggggac actccatgag 1812
 tgtctgtgag aggcagctat ctgcactcta aactgcaaac agaaatcagg tgttttaaga 1872
 ctgaatgttt tatttatcaa aatgtagctt ttggggaggg aggggaaatg taatactgga 1932
 ataatttgta aatgatttta attttatatt cagtgaaaag attttattta tggaattaac 1992
 catttaataa agaaatatit acct 2016

【 0 3 7 1 】

<210> 46

<211> 381

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 46

Met	Ser	Ser	Arg	Ile	Ala	Arg	Ala	Leu	Ala	Leu	Val	Val	Thr	Leu	Leu
1				5					10					15	
His	Leu	Thr	Arg	Leu	Ala	Leu	Ser	Thr	Cys	Pro	Ala	Ala	Cys	His	Cys
			20					25					30		
Pro	Leu	Glu	Ala	Pro	Lys	Cys	Ala	Pro	Gly	Val	Gly	Leu	Val	Arg	Asp
		35					40					45			
Gly	Cys	Gly	Cys	Cys	Lys	Val	Cys	Ala	Lys	Gln	Leu	Asn	Glu	Asp	Cys
	50					55					60				
Ser	Lys	Thr	Gln	Pro	Cys	Asp	His	Thr	Lys	Gly	Leu	Glu	Cys	Asn	Phe
65				70					75					80	
Gly	Ala	Ser	Ser	Thr	Ala	Leu	Lys	Gly	Ile	Cys	Arg	Ala	Gln	Ser	Glu
				85					90					95	
Gly	Arg	Pro	Cys	Glu	Tyr	Asn	Ser	Arg	Ile	Tyr	Gln	Asn	Gly	Glu	Ser
		100						105					110		
Phe	Gln	Pro	Asn	Cys	Lys	His	Gln	Cys	Thr	Cys	Ile	Asp	Gly	Ala	Val
		115					120						125		
Gly	Cys	Ile	Pro	Leu	Cys	Pro	Gln	Glu	Leu	Ser	Leu	Pro	Asn	Leu	Gly
	130					135					140				
Cys	Pro	Asn	Pro	Arg	Leu	Val	Lys	Val	Thr	Gly	Gln	Cys	Cys	Glu	Glu
145				150						155				160	
Trp	Val	Cys	Asp	Glu	Asp	Ser	Ile	Lys	Asp	Pr	Met	Glu	Asp	Gln	Asp
				165					170					175	
Gly	Leu	Leu	Gly	Lys	Glu	Leu	Gly	Phe	Asp	Ala	Ser	Glu	Val	Glu	Leu

180	185	190
Thr Arg Asn Asn Glu Leu Ile Ala Val Gly Lys Gly Ser Ser Leu Lys		
195	200	205
Arg Leu Pro Val Phe Gly Met Glu Pro Arg Ile Leu Tyr Asn Pro Leu		
210	215	220
Gln Gly Gln Lys Cys Ile Val Gln Thr Thr Ser Trp Ser Gln Cys Ser		
225	230	235
Lys Thr Cys Gly Thr Gly Ile Ser Thr Arg Val Thr Asn Asp Asn Pro		
245	250	255
Glu Cys Arg Leu Val Lys Glu Thr Arg Ile Cys Glu Val Arg Pro Cys		
260	265	270
Gly Gln Pro Val Tyr Ser Ser Leu Lys Lys Gly Lys Lys Cys Ser Lys		
275	280	285
Thr Lys Lys Ser Pro Glu Pro Val Arg Phe Thr Tyr Ala Gly Cys Leu		
290	295	300
Ser Val Lys Lys Tyr Arg Pro Lys Tyr Cys Gly Ser Cys Val Asp Gly		
305	310	315
Arg Cys Cys Thr Pro Gln Leu Thr Arg Thr Val Lys Met Arg Phe Arg		
325	330	335
Cys Glu Asp Gly Glu Thr Phe Ser Lys Asn Val Met Met Ile Gln Ser		
340	345	350
Cys Lys Cys Asn Tyr Asn Cys Pro His Ala Asn Glu Ala Ala Phe Pro		
355	360	365
Phe Tyr Arg Leu Phe Asn Asp Ile His Lys Phe Arg Asp		
370	375	380

【 0 3 7 2 】

<210> 47

<211> 2743

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (240)..(2387)

<400> 47

```

gaaticcgca gggcgcgggc accggggcgcg gggcagggct cggagccacc gcgcaggtcc 60
tagggccgcg gccgggcccc gccacgcgcg cacacgcccc tcgatgactt tcctccgggg 120
cgcgcgggcg tgagcccggg gcgagggctg tcttcccgga gaccgaccc cggcagcgcg 180
gggcggccac ttctctgtg cctccgcccg ctgtccact ccccgccgcc gccgcgcgg 239
atg cca agc acc agc ttt cca gtc cct tcc aag ttt cca ctt ggc cct 287
Met Pro Ser Thr Ser Phe Pro Val Pro Ser Lys Phe Pro Leu Gly Pro
      1              5              10              15
gcg gct gcg gtc ttc ggg aga gga gaa act ttg ggg ccc gcg ccg cgc 335
Ala Ala Ala Val Phe Gly Arg Gly Glu Thr Leu Gly Pro Ala Pro Arg
              20              25              30
gcc ggc ggc acc atg aag tca gcg gag gaa gaa cac tat ggc tat gca 383
Ala Gly Gly Thr Met Lys Ser Ala Glu Glu Glu His Tyr Gly Tyr Ala
              35              40              45
tcc tcc aac gtc agc ccc gcc ctg ccg ctc ccc acg gcg cac tcc acc 431
Ser Ser Asn Val Ser Pro Ala Leu Pro Leu Pro Thr Ala His Ser Thr
              50              55              60
ctg ccg gcc ccg tgc cac aac ctt cag acc tcc aca ccg ggc atc atc 479
Leu Pro Ala Pro Cys His Asn Leu Gln Thr Ser Thr Pro Gly Ile Ile
              65              70              75              80
ccg ccg gcg gat cac ccc tcg ggg tac gga gca gct ttg gac ggt ggg 527
Pr  Pro Ala Asp His Pro Ser Gly Tyr Gly Ala Ala Leu Asp Gly Gly
              85              90              95
ccc gcg ggc tac ttc ctc tcc tcc ggc cac acc agg cct gat ggg gcc 575
Pro Ala Gly Tyr Phe Leu Ser Ser Gly His Thr Arg Pro Asp Gly Ala

```

100	105	110	
cct gcc ctg gag agt cct cgc atc gag ata acc tcg tgc ttg ggc ctg			623
Pro Ala Leu Glu Ser Pro Arg Ile Glu Ile Thr Ser Cys Leu Gly Leu			
115	120	125	
tac cac aac aat aac cag ttt ttc cac gat gtg gag gtg gaa gac gtc			671
Tyr His Asn Asn Asn Gln Phe Phe His Asp Val Glu Val Glu Asp Val			
130	135	140	
ctc cct agc tcc aaa cgg tcc ccc tcc acg gcc acg ctg agt ctg ccc			719
Leu Pro Ser Ser Lys Arg Ser Pro Ser Thr Ala Thr Leu Ser Leu Pro			
145	150	155	160
agc ctg gag gcc tac aga gac ccc tcg tgc ctg agc ccg gcc agc agc			767
Ser Leu Glu Ala Tyr Arg Asp Pro Ser Cys Leu Ser Pro Ala Ser Ser			
165	170	175	
ctg tcc tcc cgg agc tgc aac tca gag gcc tcc tcc tac gag tcc aac			815
Leu Ser Ser Arg Ser Cys Asn Ser Glu Ala Ser Ser Tyr Glu Ser Asn			
180	185	190	
tac tcg tac ccg tac gcg tcc ccc cag acg tcg cca tgg cag tct ccc			863
Tyr Ser Tyr Pro Tyr Ala Ser Pro Gln Thr Ser Pro Trp Gln Ser Pro			
195	200	205	
tgc gtg tct ccc aag acc acg gac ccc gag gag ggc ttt ccc cgc ggg			911
Cys Val Ser Pro Lys Thr Thr Asp Pro Glu Glu Gly Phe Pro Arg Gly			
210	215	220	
ctg ggg gcc tgc aca ctg ctg ggt tcc ccg cag cac tcc ccc tcc acc			959
Leu Gly Ala Cys Thr Leu Leu Gly Ser Pro Gln His Ser Pro Ser Thr			
225	230	235	240
tcg ccc cgc gcc agc gtc act gag gag agc tgg ctg ggt gcc cgc tcc			1007
Ser Pro Arg Ala Ser Val Thr Glu Glu Ser Trp Leu Gly Ala Arg Ser			
245	250	255	
tcc aga ccc gcg tcc cct tgc aac aag agg aag tac agc ctc aac ggc			1055

Ser Arg Pro Ala Ser Pro Cys Asn Lys Arg Lys Tyr Ser Leu Asn Gly	
260	265
270	
cgg cag ccg ccc tac tca ccc cac cac tcg ccc acg ccg tcc ccg cac	1103
Arg Gln Pro Pro Tyr Ser Pro His His Ser Pro Thr Pro Ser Pro His	
275	280
285	
ggc tcc ccg cgg gtc agc gtg acc gac gac tcg tgg ttg ggc aac acc	1151
Gly Ser Pro Arg Val Ser Val Thr Asp Asp Ser Trp Leu Gly Asn Thr	
290	295
300	
acc cag tac acc agc tcg gcc atc gtg gcc gcc atc aac gcg ctg acc	1199
Thr Gln Tyr Thr Ser Ser Ala Ile Val Ala Ala Ile Asn Ala Leu Thr	
305	310
315	320
acc gac agc agc ctg gac ctg gga gat ggc gtc cct gtc aag tcc cgc	1247
Thr Asp Ser Ser Leu Asp Leu Gly Asp Gly Val Pro Val Lys Ser Arg	
325	330
335	
aag acc acc ctg gag cag ccg ccc tca gtg gcg ctc aag gtg gag ccc	1295
Lys Thr Thr Leu Glu Gln Pro Pro Ser Val Ala Leu Lys Val Glu Pro	
340	345
350	
gtc ggg gag gac ctg ggc agc ccc ccg ccc ccg gcc gac ttc gcg ccc	1343
Val Gly Glu Asp Leu Gly Ser Pro Pro Pro Pro Ala Asp Phe Ala Pro	
355	360
365	
gaa gac tac tcc tct ttc cag cac atc agg aag ggc ggc ttc tgc gac	1391
Glu Asp Tyr Ser Ser Phe Gln His Ile Arg Lys Gly Gly Phe Cys Asp	
370	375
380	
cag tac ctg gcg gtg ccg cag cac ccc tac cag tgg gcg aag ccc aag	1439
Gln Tyr Leu Ala Val Pro Gln His Pro Tyr Gln Trp Ala Lys Pro Lys	
385	390
395	400
ccc ctg tcc cct acg tcc tac atg agc ccg acc ctg ccc gcc ctg gac	1487
Pro Leu Ser Pro Thr Ser Tyr Met Ser Pro Thr Leu Pro Ala Leu Asp	
405	410
415	

tgg cag ctg ccg tcc cac tca ggc ccg tat gag ctt cgg att gag gtg	1535
Trp Gln Leu Pro Ser His Ser Gly Pro Tyr Glu Leu Arg Ile Glu Val	
420 425 430	
cag ccc aag tcc cac cac cga gcc cac tac gag acg gag ggc agc cgg	1583
Gln Pro Lys Ser His His Arg Ala His Tyr Glu Thr Glu Gly Ser Arg	
435 440 445	
ggg gcc gtg aag gcg tcg gcc gga gga cac ccc atc gtg cag ctg cat	1631
Gly Ala Val Lys Ala Ser Ala Gly Gly His Pro Ile Val Gln Leu His	
450 455 460	
ggc tac ttg gag aat gag ccg ctg atg ctg cag ctt ttc att ggg acg	1679
Gly Tyr Leu Glu Asn Glu Pro Leu Met Leu Gln Leu Phe Ile Gly Thr	
465 470 475 480	
gcg gac gac cgc ctg ctg cgc ccg cac gcc ttc tac cag gtg cac cgc	1727
Ala Asp Asp Arg Leu Leu Arg Pro His Ala Phe Tyr Gln Val His Arg	
485 490 495	
atc aca ggg aag acc gtg tcc acc acc agc cac gag gct atc ctc tcc	1775
Ile Thr Gly Lys Thr Val Ser Thr Thr Ser His Glu Ala Ile Leu Ser	
500 505 510	
aac acc aaa gtc ctg gag atc cca ctc ctg ccg gag aac agc atg cga	1823
Asn Thr Lys Val Leu Glu Ile Pro Leu Leu Pro Glu Asn Ser Met Arg	
515 520 525	
gcc gtc att gac tgt gcc gga atc ctg aaa ctc aga aac tcc gac att	1871
Ala Val Ile Asp Cys Ala Gly Ile Leu Lys Leu Arg Asn Ser Asp Ile	
530 535 540	
gaa ctt cgg aaa gga gag acg gac atc ggg agg aag aac aca cgg gta	1919
Glu Leu Arg Lys Gly Glu Thr Asp Ile Gly Arg Lys Asn Thr Arg Val	
545 550 555 560	
cgg ctg gtg ttc cgc gtt cac gtc ccg caa ccc agc ggc cgc acg ctg	1967
Arg Leu Val Phe Arg Val His Val Pro Gln Pro Ser Gly Arg Thr Leu	

565	570	575	
tcc ctg cag gtg gcc tcc aac ccc atc gaa tgc tcc cag cgc tca gct	2015		
Ser Leu Gln Val Ala Ser Asn Pro Ile Glu Cys Ser Gln Arg Ser Ala			
580	585	590	
cag gag ctg cct ctg gtg gag aag cag agc acg gac agc tat ccg gtc	2063		
Gln Glu Leu Pro Leu Val Glu Lys Gln Ser Thr Asp Ser Tyr Pro Val			
595	600	605	
gtg ggc ggg aag aag atg gtc ctg tct ggc cac aac ttc ctg cag gac	2111		
Val Gly Gly Lys Lys Met Val Leu Ser Gly His Asn Phe Leu Gln Asp			
610	615	620	
tcc aag gtc att ttc gtg gag aaa gcc cca gat ggc cac cat gtc tgg	2159		
Ser Lys Val Ile Phe Val Glu Lys Ala Pro Asp Gly His His Val Trp			
625	630	635	640
gag atg gaa gcg aaa act gac cgg gac ctg tgc aag ccg aat tct ctg	2207		
Glu Met Glu Ala Lys Thr Asp Arg Asp Leu Cys Lys Pro Asn Ser Leu			
645	650	655	
gtg gtt gag atc ccg cca ttt cgg aat cag agg ata acc agc ccc gtt	2255		
Val Val Glu Ile Pro Pro Phe Arg Asn Gln Arg Ile Thr Ser Pro Val			
660	665	670	
cac gtc agt ttc tac gtc tgc aac ggg aag aga aag cga agc cag tac	2303		
His Val Ser Phe Tyr Val Cys Asn Gly Lys Arg Lys Arg Ser Gln Tyr			
675	680	685	
cag cgt ttc acc tac ctt ccc gcc aac ggt aac gcc atc ttt cta acc	2351		
Gln Arg Phe Thr Tyr Leu Pro Ala Asn Gly Asn Ala Ile Phe Leu Thr			
690	695	700	
gta agc cgt gaa cat gag cgc gtg ggg tgc ttt ttc taaagacgca	2397		
Val Ser Arg Glu His Glu Arg Val Gly Cys Phe Phe			
705	710	715	
gaaacgacgt cgccgtaaag cagcgtggcg tgttgacat ttaactgtgt gatgtcccgt	2457		

tagtgagacc gagccatcga tgccctgaaa aggaaaggaa aagggaagct tcggatgcat 2517
 tttccttgat cccgtgtggg ggtggggggc ggggggttgca tactcagata gtcacggta 2577
 ttttgcttct tgcgaatgta taacagccaa ggggaaaaca tggctcttct gctccaaaaa 2637
 actgaggggg tcctggtgtg catttgcacc ctaaagctgc ttacggtgaa aaggcaaata 2697
 ggtatagcta ttttgcaggc accttagga ataaacttg ctttta 2743

【 0 3 7 3 】

<210> 48

<211> 716

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 48

Met Pro Ser Thr Ser Phe Pro Val Pro Ser Lys Phe Pro Leu Gly Pro
 1 5 10 15
 Ala Ala Ala Val Phe Gly Arg Gly Glu Thr Leu Gly Pro Ala Pro Arg
 20 25 30
 Ala Gly Gly Thr Met Lys Ser Ala Glu Glu Glu His Tyr Gly Tyr Ala
 35 40 45
 Ser Ser Asn Val Ser Pro Ala Leu Pro Leu Pro Thr Ala His Ser Thr
 50 55 60
 Leu Pro Ala Pro Cys His Asn Leu Gln Thr Ser Thr Pro Gly Ile Ile
 65 70 75 80
 Pro Pro Ala Asp His Pro Ser Gly Tyr Gly Ala Ala Leu Asp Gly Gly
 85 90 95
 Pro Ala Gly Tyr Phe Leu Ser Ser Gly His Thr Arg Pro Asp Gly Ala
 100 105 110
 Pro Ala Leu Glu Ser Pro Arg Ile Glu Ile Thr Ser Cys Leu Gly Leu
 115 120 125
 Tyr His Asn Asn Asn Gln Phe Phe His Asp Val Glu Val Glu Asp Val
 130 135 140

Leu Pro Ser Ser Lys Arg Ser Pro Ser Thr Ala Thr Leu Ser Leu Pro
 145 150 155 160
 Ser Leu Glu Ala Tyr Arg Asp Pro Ser Cys Leu Ser Pro Ala Ser Ser
 165 170 175
 Leu Ser Ser Arg Ser Cys Asn Ser Glu Ala Ser Ser Tyr Glu Ser Asn
 180 185 190
 Tyr Ser Tyr Pro Tyr Ala Ser Pro Gln Thr Ser Pro Trp Gln Ser Pro
 195 200 205
 Cys Val Ser Pro Lys Thr Thr Asp Pro Glu Glu Gly Phe Pro Arg Gly
 210 215 220
 Leu Gly Ala Cys Thr Leu Leu Gly Ser Pro Gln His Ser Pro Ser Thr
 225 230 235 240
 Ser Pro Arg Ala Ser Val Thr Glu Glu Ser Trp Leu Gly Ala Arg Ser
 245 250 255
 Ser Arg Pro Ala Ser Pro Cys Asn Lys Arg Lys Tyr Ser Leu Asn Gly
 260 265 270
 Arg Gln Pro Pro Tyr Ser Pro His His Ser Pro Thr Pro Ser Pro His
 275 280 285
 Gly Ser Pro Arg Val Ser Val Thr Asp Asp Ser Trp Leu Gly Asn Thr
 290 295 300
 Thr Gln Tyr Thr Ser Ser Ala Ile Val Ala Ala Ile Asn Ala Leu Thr
 305 310 315 320
 Thr Asp Ser Ser Leu Asp Leu Gly Asp Gly Val Pro Val Lys Ser Arg
 325 330 335
 Lys Thr Thr Leu Glu Gln Pro Pro Ser Val Ala Leu Lys Val Glu Pro
 340 345 350
 Val Gly Glu Asp Leu Gly Ser Pro Pro Pro Pro Ala Asp Phe Ala Pro
 355 360 365
 Glu Asp Tyr Ser Ser Phe Gln His Ile Arg Lys Gly Gly Phe Cys Asp

370	375	380	
Gln Tyr Leu Ala Val Pro Gln His Pro Tyr Gln Trp Ala Lys Pro Lys			
385	390	395	400
Pro Leu Ser Pro Thr Ser Tyr Met Ser Pro Thr Leu Pro Ala Leu Asp			
	405	410	415
Trp Gln Leu Pro Ser His Ser Gly Pro Tyr Glu Leu Arg Ile Glu Val			
	420	425	430
Gln Pro Lys Ser His His Arg Ala His Tyr Glu Thr Glu Gly Ser Arg			
	435	440	445
Gly Ala Val Lys Ala Ser Ala Gly Gly His Pro Ile Val Gln Leu His			
	450	455	460
Gly Tyr Leu Glu Asn Glu Pro Leu Met Leu Gln Leu Phe Ile Gly Thr			
465	470	475	480
Ala Asp Asp Arg Leu Leu Arg Pro His Ala Phe Tyr Gln Val His Arg			
	485	490	495
Ile Thr Gly Lys Thr Val Ser Thr Thr Ser His Glu Ala Ile Leu Ser			
	500	505	510
Asn Thr Lys Val Leu Glu Ile Pro Leu Leu Pro Glu Asn Ser Met Arg			
	515	520	525
Ala Val Ile Asp Cys Ala Gly Ile Leu Lys Leu Arg Asn Ser Asp Ile			
	530	535	540
Glu Leu Arg Lys Gly Glu Thr Asp Ile Gly Arg Lys Asn Thr Arg Val			
545	550	555	560
Arg Leu Val Phe Arg Val His Val Pro Gln Pro Ser Gly Arg Thr Leu			
	565	570	575
Ser Leu Gln Val Ala Ser Asn Pro Ile Glu Cys Ser Gln Arg Ser Ala			
	580	585	590
Gln Glu Leu Pro Leu Val Glu Lys Gln Ser Thr Asp Ser Tyr Pro Val			
	595	600	605

Val Gly Gly Lys Lys Met Val Leu Ser Gly His Asn Phe Leu Gln Asp
 610 615 620
 Ser Lys Val Ile Phe Val Glu Lys Ala Pro Asp Gly His His Val Trp
 625 630 635 640
 Glu Met Glu Ala Lys Thr Asp Arg Asp Leu Cys Lys Pro Asn Ser Leu
 645 650 655
 Val Val Glu Ile Pro Pro Phe Arg Asn Gln Arg Ile Thr Ser Pro Val
 660 665 670
 His Val Ser Phe Tyr Val Cys Asn Gly Lys Arg Lys Arg Ser Gln Tyr
 675 680 685
 Gln Arg Phe Thr Tyr Leu Pro Ala Asn Gly Asn Ala Ile Phe Leu Thr
 690 695 700
 Val Ser Arg Glu His Glu Arg Val Gly Cys Phe Phe
 705 710 715

【 0 3 7 4 】

<210> 49
 <211> 2353
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens
 <220>
 <221> CDS
 <222> (241)..(1482)
 <400> 49

cgccgagacg agcagcggcc gagcgagcgc gggcgcgggc gcaccgaggc gagggaggcg 60
 gggaagcccc gccgccgccg ccccgcccgc cccttcccc gccgccgcc ccctctcccc 120
 ccgcccgcgc gccgccttcc tccctctgcc ttcttcccc acggccggcc gcctcctcgc 180
 ccgcccgcgc gcagccgagg agccgaggcc gccgcggccg tggcggcgga gccctcagcc 240
 atg gcc tcg ggc gac acc ctc tac atc gcc acg gac ggc tcg gag atg 288
 Met Ala Ser Gly Asp Thr Leu Tyr Ile Ala Thr Asp Gly Ser Glu Met

1	5	10	15	
ccg gcc gag atc gtg gag ctg cac gag atc gag gtg gag acc atc ccg	336			
Pro Ala Glu Ile Val Glu Leu His Glu Ile Glu Val Glu Thr Ile Pro				
20	25	30		
gtg gag acc atc gag acc aca gtg gtg ggc gag gag gag gag gag gac	384			
Val Glu Thr Ile Glu Thr Thr Val Val Gly Glu Glu Glu Glu Glu Asp				
35	40	45		
gac gac gag gag gac ggc ggc ggt ggc gac cac ggc ggc ggg ggc ggc	432			
Asp Asp Asp Glu Asp Gly Gly Gly Gly Asp His Gly Gly Gly Gly Gly				
50	55	60		
cac ggg cac gcc ggc cac cac cac cac cac cat cac cac cac cac cac	480			
His Gly His Ala Gly His His His His His His His His His His His				
65	70	75	80	
ccg ccc atg atc gct ctg cag ccg ctg gtc acc gag gag ccg acc cag	528			
Pro Pro Met Ile Ala Leu Gln Pro Leu Val Thr Asp Asp Pro Thr Gln				
85	90	95		
gtg cac cac cac cag gag gtg atc ctg gtg cag acg cgc gag gag gtg	576			
Val His His His Gln Glu Val Ile Leu Val Gln Thr Arg Glu Glu Val				
100	105	110		
gtg ggc ggc gac gac tcg gac ggg ctg cgc gcc gag gag ggc ttc gag	624			
Val Gly Gly Asp Asp Ser Asp Gly Leu Arg Ala Glu Asp Gly Phe Glu				
115	120	125		
gat cag att ctc atc ccg gtg ccc gcg ccg gcc ggc ggc gac gac gac	672			
Asp Gln Ile Leu Ile Pro Val Pro Ala Pro Ala Gly Gly Asp Asp Asp				
130	135	140		
tac att gaa caa acg ctg gtc acc gtg gcg gcg gcc ggc aag agc ggc	720			
Tyr Ile Glu Gln Thr Leu Val Thr Val Ala Ala Ala Gly Lys Ser Gly				
145	150	155	160	
ggc ggc ggc tcg tcg tcg tcg gga ggc ggc cgc gtc aag aag ggc ggc	768			

Gly Gly Gly Ser Ser Ser Ser Gly Gly Gly Arg Val Lys Lys Gly Gly	
165 170 175	
ggc aag aag agc ggc aag aag agt tac ctc agc ggc ggg gcc ggc gcg	816
Gly Lys Lys Ser Gly Lys Lys Ser Tyr Leu Ser Gly Gly Ala Gly Ala	
180 185 190	
gcg ggc ggg cgc ggc gcc gac ccg ggc aac aag aag tgg gag cag aag	864
Ala Gly Gly Arg Gly Ala Asp Pro Gly Asn Lys Lys Trp Glu Gln Lys	
195 200 205	
cag gtg cag atc aag acc ctg gag ggc gag ttc tcg gtc acc atg tgg	912
Gln Val Gln Ile Lys Thr Leu Glu Gly Glu Phe Ser Val Thr Met Trp	
210 215 220	
tcc tca gat gaa aaa aaa gat att gac cat gag aca gtg gtt gaa gaa	960
Ser Ser Asp Glu Lys Lys Asp Ile Asp His Glu Thr Val Val Glu Glu	
225 230 235 240	
cag atc att gga gag aac tca cct cct gat tat tca gaa tat atg aca	1008
Gln Ile Ile Gly Glu Asn Ser Pro Pro Asp Tyr Ser Glu Tyr Met Thr	
245 250 255	
gga aag aaa ctt cct cct gga gga ata cct ggc att gac ctc tca gat	1056
Gly Lys Lys Leu Pro Pro Gly Gly Ile Pro Gly Ile Asp Leu Ser Asp	
260 265 270	
ccc aaa caa ctg gca gaa ttt gct aga atg aag cca aga aaa att aaa	1104
Pro Lys Gln Leu Ala Glu Phe Ala Arg Met Lys Pro Arg Lys Ile Lys	
275 280 285	
gaa gat gat gct cca aga aca ata gct tgc cct cat aaa ggc tgc aca	1152
Glu Asp Asp Ala Pro Arg Thr Ile Ala Cys Pro His Lys Gly Cys Thr	
290 295 300	
aag atg ttc agg gat aac tcg gcc atg aga aaa cat ctg cac acc cac	1200
Lys Met Phe Arg Asp Asn Ser Ala Met Arg Lys His Leu His Thr His	
305 310 315 320	

ggt ccc aga gtc cac gtc tgt gca gaa tgt ggc aaa gct ttt gtt gag 1248
 Gly Pro Arg Val His Val Cys Ala Glu Cys Gly Lys Ala Phe Val Glu
 325 330 335
 agt tca aaa cta aaa cga cac caa ctg gtt cat act gga gag aag ccc 1296
 Ser Ser Lys Leu Lys Arg His Gln Leu Val His Thr Gly Glu Lys Pro
 340 345 350
 ttt cag tgc acg ttc gaa ggc tgt ggg aaa cgc ttt tca ctg gac ttc 1344
 Phe Gln Cys Thr Phe Glu Gly Cys Gly Lys Arg Phe Ser Leu Asp Phe
 355 360 365
 aat ttg cgc aca cat gtg cga atc cat acc gga gac agg ccc tat gtg 1392
 Asn Leu Arg Thr His Val Arg Ile His Thr Gly Asp Arg Pro Tyr Val
 370 375 380
 tgc ccc ttc gat ggt tgt aat aag aag ttt gct cag tca act aac ctg 1440
 Cys Pro Phe Asp Gly Cys Asn Lys Lys Phe Ala Gln Ser Thr Asn Leu
 385 390 395 400
 aaa tct cac atc tta aca cat gct aag gcc aaa aac aac cag 1482
 Lys Ser His Ile Leu Thr His Ala Lys Ala Lys Asn Asn Gln
 405 410
 tgaaaagaag agagaagacc ctctcgcacc acgggaagca tcttcagaa gtgtgattgg 1542
 gaataaatat gcctctcctt tgtatattat ttctaggaag aattttaaaa atgaatccta 1602
 cacacctaag ggacatgttt tgataaagta gtaaaaatta aaaaaaaaaa actttactaa 1662
 gatgacattg ctaagatgct ctatcttgct ctgtaatctc gtttcaaaaa cacagtgttt 1722
 ttgtaaagtg tggctccaac aggaggacaa ttcatagaact tcgcatcaaa agacaattct 1782
 ttatacaaca gtgctaataa tgggacttct tttcacattc ttataaatat gaagctcacc 1842
 tgttgcttac aattttttta attttgtatt ttccaagtgt gcatattgta cacttttttg 1902
 gggatatgct tagtaatgct acgtgtgatt tttctggagg ttgataactt tgcttgacgt 1962
 agattttctt taaaagaatg ggcagttaca tgcatacttc aaaagtatct tcctgtaaaa 2022
 aaaaaaaaaaag ttatataggt tttgtttgct atcttaattt tggttgtatt ctttgatgtt 2082
 aacacatttt gtataattgt atcgatatgc tgtattgaat catgtagtat caaatattag 2142

atgtgattta atagtgttaa tcaattttaa cccatttttag tcactttttt ttcccaaaaa 2202
aatactgccga gatgctgatg ttcagtgtaa tttctttgcc tgttcagtta cagaaagtgg 2262
tgctcagttg tagaatgtat tgtacctttt aacacctgat gtgtacatcc catgtaacag 2322
aaagggcaac aataaaatag caatcctaaa g 2353

【 0 3 7 5 】

<210> 50

<211> 414

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 50

Met	Ala	Ser	Gly	Asp	Thr	Leu	Tyr	Ile	Ala	Thr	Asp	Gly	Ser	Glu	Met
1				5					10					15	
Pro	Ala	Glu	Ile	Val	Glu	Leu	His	Glu	Ile	Glu	Val	Glu	Thr	Ile	Pro
				20				25						30	
Val	Glu	Thr	Ile	Glu	Thr	Thr	Val	Val	Gly	Glu	Glu	Glu	Glu	Glu	Asp
			35				40							45	
Asp	Asp	Asp	Glu	Asp	Gly	Gly	Gly	Gly	Asp	His	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly
			50				55							60	
His	Gly	His	Ala	Gly	His	His	His	His	His	His	His	His	His	His	His
			65				70							75	
Pro	Pro	Met	Ile	Ala	Leu	Gln	Pro	Leu	Val	Thr	Asp	Asp	Pro	Thr	Gln
					85					90					95
Val	His	His	His	Gln	Glu	Val	Ile	Leu	Val	Gln	Thr	Arg	Glu	Glu	Val
				100						105					110
Val	Gly	Gly	Asp	Asp	Ser	Asp	Gly	Leu	Arg	Ala	Glu	Asp	Gly	Phe	Glu
				115						120					125
Asp	Gln	Ile	Leu	Ile	Pro	Val	Pro	Ala	Pro	Ala	Gly	Gly	Asp	Asp	Asp
				130						135					140
Tyr	Ile	Glu	Gln	Thr	Leu	Val	Thr	Val	Ala	Ala	Ala	Gly	Lys	Ser	Gly

145	150	155	160
Gly Gly Gly Ser Ser Ser Ser Gly Gly Gly Arg Val Lys Lys Gly Gly			
	165	170	175
Gly Lys Lys Ser Gly Lys Lys Ser Tyr Leu Ser Gly Gly Ala Gly Ala			
	180	185	190
Ala Gly Gly Arg Gly Ala Asp Pro Gly Asn Lys Lys Trp Glu Gln Lys			
	195	200	205
Gln Val Gln Ile Lys Thr Leu Glu Gly Glu Phe Ser Val Thr Met Trp			
	210	215	220
Ser Ser Asp Glu Lys Lys Asp Ile Asp His Glu Thr Val Val Glu Glu			
225	230	235	240
Gln Ile Ile Gly Glu Asn Ser Pro Pro Asp Tyr Ser Glu Tyr Met Thr			
	245	250	255
Gly Lys Lys Leu Pro Pro Gly Gly Ile Pro Gly Ile Asp Leu Ser Asp			
	260	265	270
Pro Lys Gln Leu Ala Glu Phe Ala Arg Met Lys Pro Arg Lys Ile Lys			
	275	280	285
Glu Asp Asp Ala Pro Arg Thr Ile Ala Cys Pro His Lys Gly Cys Thr			
	290	295	300
Lys Met Phe Arg Asp Asn Ser Ala Met Arg Lys His Leu His Thr His			
305	310	315	320
Gly Pro Arg Val His Val Cys Ala Glu Cys Gly Lys Ala Phe Val Glu			
	325	330	335
Ser Ser Lys Leu Lys Arg His Gln Leu Val His Thr Gly Glu Lys Pro			
	340	345	350
Phe Gln Cys Thr Phe Glu Gly Cys Gly Lys Arg Phe Ser Leu Asp Phe			
	355	360	365
Asn Leu Arg Thr His Val Arg Ile His Thr Gly Asp Arg Pro Tyr Val			
	370	375	380

Cys Pro Phe Asp Gly Cys Asn Lys Lys Phe Ala Gln Ser Thr Asn Leu
 385 390 395 400
 Lys Ser His Ile Leu Thr His Ala Lys Ala Lys Asn Asn Gln
 405 410

【 0 3 7 6 】

<210> 51
 <211> 1229
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens
 <220>
 <221> CDS
 <222> (222)..(950)
 <400> 51

ataacgattt caagagctgc acttaagcat ctagaatttt ctgcgtcaca cctcttgaga 60
 gaagagactg gctccaggtc tgactcagtc cactacaagc tagacgggtct tcttaaagca 120
 ccaacattac ttgagtcctt ggataaaatt gagaaaagag tctacaagta ttgtggactc 180
 tacaggaggc aggaggctga caactggcag taaagacaaa g atg tca ggc ctg cgg 236

Met Ser Gly Leu Arg

1 5

ccc ggc act caa gtg gac cct gag att gag ctt ttt gta aag gct gga 284

Pro Gly Thr Gln Val Asp Pro Glu Ile Glu Leu Phe Val Lys Ala Gly

10 15 20

agt gat gga gag agt att gga aac tgt ccc ttt tgc caa cgc ctt ttc 332

Ser Asp Gly Glu Ser Ile Gly Asn Cys Pro Phe Cys Gln Arg Leu Phe

25 30 35

atg atc ctc tgg ctt aaa gga gtt aaa ttt aat gtg aca act gtt gac 380

Met Ile Leu Trp Leu Lys Gly Val Lys Phe Asn Val Thr Thr Val Asp

40 45 50

atg acc aga aag cct gaa gaa cta aag gac tta gcc cca ggt acc aat 428

Met Thr Arg Lys Pro Glu Glu Leu Lys Asp Leu Ala Pro Gly Thr Asn	
55 60 65	
cct ccg ttc ctg gtg tat aac aag gag ttg aaa aca gac ttc att aaa	476
Pro Pro Phe Leu Val Tyr Asn Lys Glu Leu Lys Thr Asp Phe Ile Lys	
70 75 80 85	
att gag gag ttt tta gaa caa acc ctg gct cct cca agg tac cct cac	524
Ile Glu Glu Phe Leu Glu Gln Thr Leu Ala Pro Pro Arg Tyr Pro His	
90 95 100	
ctg agt ccc aag tac aag gag tct ttt gat gtg ggc tgt aac ctc ttt	572
Leu Ser Pro Lys Tyr Lys Glu Ser Phe Asp Val Gly Cys Asn Leu Phe	
105 110 115	
gcc aag ttt tct gca tac att aag aat aca caa aag gag gca aat aag	620
Ala Lys Phe Ser Ala Tyr Ile Lys Asn Thr Gln Lys Glu Ala Asn Lys	
120 125 130	
aat ttt gaa aaa tct ctg ctc aaa gaa ttc aag cgt ctg gat gac tac	668
Asn Phe Glu Lys Ser Leu Leu Lys Glu Phe Lys Arg Leu Asp Asp Tyr	
135 140 145	
tta aac acc cca ctt ctg gat gaa att gat cca gac agt gct ggg gaa	716
Leu Asn Thr Pro Leu Leu Asp Glu Ile Asp Pro Asp Ser Ala Gly Glu	
150 155 160 165	
ccc cca gtt tcc aga aga cta ttc ttg gat ggg gac cag cta aca ctg	764
Pro Pro Val Ser Arg Arg Leu Phe Leu Asp Gly Asp Gln Leu Thr Leu	
170 175 180	
gct gat tgt agc ttg tta ccc aag ctg aac att att aaa gtt gct gcc	812
Ala Asp Cys Ser Leu Leu Pro Lys Leu Asn Ile Ile Lys Val Ala Ala	
185 190 195	
aag aaa tat cgt gac ttt gac att cca gca gaa ttc tca gga gtc tgg	860
Lys Lys Tyr Arg Asp Phe Asp Ile Pro Ala Glu Phe Ser Gly Val Trp	
200 205 210	

cgt tat ctc cac aat gcc tat gcc cgt gaa gaa ttt acc cac acg tgt 908

Arg Tyr Leu His Asn Ala Tyr Ala Arg Glu Glu Phe Thr His Thr Cys

215

220

225

cct gaa gac aaa gaa att gaa aat act tac gca aat gtg gct 950

Pro Glu Asp Lys Glu Ile Glu Asn Thr Tyr Ala Asn Val Ala

230

235

240

taaacagaag agttaggaga gctcttacag gagaaaaggc tatatttgtg atcagatttt 1010

acttattgac atattagaaa ggTTTTTgca aataagaata tgaaaaatac tgtttcttct 1070

atccaactct cttatgaaaa ggaactctgt attttctatt agccataaat aatctgtcca 1130

ctgtatttta caggctctca tacttttact taattttctt tatctgtatg gcaaaccact 1190

gcaatcctga atgacatgga aagcatcaca aaaaaaaaaa 1229

【 0 3 7 7 】

<210> 52

<211> 243

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 52

Met Ser Gly Leu Arg Pro Gly Thr Gln Val Asp Pro Glu Ile Glu Leu

1

5

10

15

Phe Val Lys Ala Gly Ser Asp Gly Glu Ser Ile Gly Asn Cys Pro Phe

20

25

30

Cys Gln Arg Leu Phe Met Ile Leu Trp Leu Lys Gly Val Lys Phe Asn

35

40

45

Val Thr Thr Val Asp Met Thr Arg Lys Pro Glu Glu Leu Lys Asp Leu

50

55

60

Ala Pro Gly Thr Asn Pro Pro Phe Leu Val Tyr Asn Lys Glu Leu Lys

65

70

75

80

Thr Asp Phe Ile Lys Ile Glu Glu Phe Leu Glu Gln Thr Leu Ala Pro

85

90

95

Pro Arg Tyr Pro His Leu Ser Pro Lys Tyr Lys Glu Ser Phe Asp Val
 100 105 110
 Gly Cys Asn Leu Phe Ala Lys Phe Ser Ala Tyr Ile Lys Asn Thr Gln
 115 120 125
 Lys Glu Ala Asn Lys Asn Phe Glu Lys Ser Leu Leu Lys Glu Phe Lys
 130 135 140
 Arg Leu Asp Asp Tyr Leu Asn Thr Pro Leu Leu Asp Glu Ile Asp Pro
 145 150 155 160
 Asp Ser Ala Gly Glu Pro Pro Val Ser Arg Arg Leu Phe Leu Asp Gly
 165 170 175
 Asp Gln Leu Thr Leu Ala Asp Cys Ser Leu Leu Pro Lys Leu Asn Ile
 180 185 190
 Ile Lys Val Ala Ala Lys Lys Tyr Arg Asp Phe Asp Ile Pro Ala Glu
 195 200 205
 Phe Ser Gly Val Trp Arg Tyr Leu His Asn Ala Tyr Ala Arg Glu Glu
 210 215 220
 Phe Thr His Thr Cys Pro Glu Asp Lys Glu Ile Glu Asn Thr Tyr Ala
 225 230 235 240
 Asn Val Ala

【0 3 7 8】

<210> 53

<211> 4001

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (2)..(316)

<400> 53

c cca ggt aat cct tat gtc aag gtg aac gtc tac tac ggc aga aag cgc 49

Pro Gly Asn Pro Tyr Val Lys Val Asn Val Tyr Tyr Gly Arg Lys Arg
1 5 10 15
att gcc aag aag aaa acc cat gtg aag aag tgc act ttg aac ccc atc 97
Ile Ala Lys Lys Lys Thr His Val Lys Lys Cys Thr Leu Asn Pro Ile
20 25 30
ttc aat gaa tct ttc atc tac gac atc ccc act gac ctc ctg cct gat 145
Phe Asn Glu Ser Phe Ile Tyr Asp Ile Pro Thr Asp Leu Leu Pro Asp
35 40 45
atc agc atc gag ttc ctc gtt atc gac ttc gat cgc acc acc aag aat 193
Ile Ser Ile Glu Phe Leu Val Ile Asp Phe Asp Arg Thr Thr Lys Asn
50 55 60
gag gtg gtg ggg agg ctg atc ctg ggg gca cac agt gtc aca gcc agt 241
Glu Val Val Gly Arg Leu Ile Leu Gly Ala His Ser Val Thr Ala Ser
65 70 75 80
ggt gct gaa cac tgg aga gag gtc tgc gag agc ccc cgc aag cct gtg 289
Gly Ala Glu His Trp Arg Glu Val Cys Glu Ser Pro Arg Lys Pro Val
85 90 95
gcc aag tgg cac agt ctg agc gag tac taatcctgtt cttctctcct 336
Ala Lys Trp His Ser Leu Ser Glu Tyr
100 105
ctaataccccg ggggcccaagc tggggaggga tgtggagggg aaaaagatga cagagaagtg 396
gactccaaac ctcatttttag ttgtagaaga aaatttctta caaaacaaat tccacaaaga 456
acaccctata tgaccacagc tgcagatcag ttcttagcaa tgatgttttt ttttctgtt 516
tgcaaggcgc tagaatcttt tattttactt tatttttttt gaggtggagt ttcgctcttg 576
ttgcccgggc tggagtgcaa tggtagatc tcaactcact gcaacctctg ccctccaggt 636
tcaagtgatt ctctccctc agcctcccaa gtagctggga ttacaggcac ccacgagcat 696
gcccggctaa ttttttgtat tttcagtaga gatgggtttc accatgttgg ccaggctggt 756
ctcgaattcc agacctcagg tgatccacc gcctcggcct cccaaagtgc tgggattaca 816
ggtgcgagcc accgtgccc gcctctggtt ttgttttggt tttttttttt aatgggggac 876

aaaagagagg gaaagacccc tataaatcta tatataacaa tgtaaccata tacttgcacg 936
 tctaatacaa actgaagaaa ttagcctaac tgccaataac aagttgcaga ttttaacca 996
 tggaaattgt gttttgtgct gaattgtatt tgctgattac ctgaaattgg cttcttttta 1056
 ttgggcttct ctggagaatt tctcccactc cccacctctg cagaagaaaa ttttgctctt 1116
 ataaaacctc atgttttcat cttcccatc tttctttttt attgcctctt atatctctgc 1176
 tctttgacct caaggcttag aggtctgcag taagccaaga aacaaagggt ggggtgatga 1236
 ggcaagggtt gcaggagaaa gaggaattga gaaatggggt atttttgcta tcagctcttc 1296
 tgctatgaag tagtaaaagg cagtctataa ttaactgaca gacctactg aagcacagag 1356
 aatacatcag acttatgcat ccaagacatc agaacttgga ttttatcaaa cttgatgact 1416
 tctctaaaag gagctttgga aacttcaa atcagctatag gatagtacca atgaacacat 1476
 ccagctgac ccaaaagctg ttttcaggta taaggacaag gagaggagac aagtgcgac 1536
 agccattccc ctttgagct atctactgta gtgacagcca tttcttggt gatgggttg 1596
 aagtcacag aggtttgaag aattacactg gcctttgttt ttctggaaat gccgacctg 1656
 gagatgcttt agagtcttct caaatagctt agatgttgta atgaggtag ctttgcttca 1716
 taaaacaggg gccctcagaa gttctcctta aatttttcaa taaaattta gctcttaaaa 1776
 aaataacagt gtgactgagt gaatgaagat aagttggatt ctttcagagc attcttttcc 1836
 tcaaaacgag ctgcataatt cttggaattt atgtcttacc acatgggtgga gggatggagg 1896
 aactacagga tgcaattctt cttctaccaaa tgggcaatag aggttgagag agattcagca 1956
 tctttctggg attagaattc aagtctcttt actcctacag cagctgtgtc tccaacgttg 2016
 agactttgca gatggcacag actccatgga taataggtaa acttggggcc gggcgacgtg 2076
 gctcacgcct gtaatcccag tattttggga ggccgaggtg gaaagatcgc ttgagcccag 2136
 gagttcaaga ccagcctggg ctacatgacg aaactccatc tctatcaaaa atacaaaaaa 2196
 ttaactaggt gtggtgctgc acgcctgttg tcccagctat tcaggaggct gaggtgggag 2256
 gatcatttga gccagaggt agaggctgca gtgagccatg atcatgccac tgcactctgg 2316
 gctgggtaac agagttagat cctgtctcaa aaattaatta attaatatt taaaataaac 2376
 taggtaaact tggataggca gtagatatat ttgccacct gaggaggaac tcagtcaagc 2436
 tgttgcttaa cagcttgatc cagggcgtga aaggtaggt gagactgaag tgttcacttc 2496
 catagaagaa catcactttt aaccttgctt tggcgaagg agtcggaag ctgagtctct 2556
 atggacgggg gggtagctt gccttcagt tccctcagc tttgttgat ttaaaacct 2616

tctgctcccc cttaaaccctt tgtttgattt cagcccatgt tcttgacaat gcagagcaat 2676
tctgagcagt cacaaagcct actctctgtt cttgtccctg ccaaccccca ccccccataa 2736
tctgactcac aacttcacca tcagttgggg tcataccact agtctctgtc ctatacccca 2796
tgaaatgtaa atactgtatc ataagtagaa gaaaataatt tttgttttct aaaaatgcat 2856
tttgagatag tttaatgtaa atctgacagg agcattctga agccccatta ggaaaaaatt 2916
taaattggtc cttctcatcg ccttaatgtc taaagatcag aaatcgctga gcaaaccgcg 2976
ttttgtttcc tttccagaaa caatgcaaaa caacagggtg agatagtctg gtctttgccc 3036
tgctgtgtgt gcctctgtag ctctctctga caaacgtctg ggaaaacagc ctcaccccac 3096
tctctctct cttccccatt tccttgtagc tttattcctt gcattcttgg gtctactgag 3156
cagtgggtgc tgagggtgaca ggggaggaac cagttgttct gtagcctagg aactgcctca 3216
gtgtctttgc cagaaaaagg caaagaggcg gacagtgcag ggctcctccc tcctacctca 3276
ggcctgatcc atcgtgccct tgactttgcc gtctcaaagt ttcttagctg actttggctt 3336
tcacatttgt tctttccaga gctaactgat aagagtggag gaggaatgcc ttctcctaag 3396
agtcagttga aagaaagaca agagagtcac atcttagctt ttgcacaagg cattcgtggt 3456
caggaatagg ttagggaatg gtcacttctg attttccaac agttgtcct tctctgaaga 3516
gatcttgatt cttttgggaa gacaagaatt tttcttaata acaaagggtc ctttatgagt 3576
tattccttct ttcagttcat ctactggag cacagccaag atggacatgt ttatggacag 3636
tgctctagat gtgaaaacag atagaactgg tttgtgggac aggggcagct tgctcaggag 3696
aggaataaac gcaggtcct tttcttggaa ggcttgtact atggccatga cagtgcatt 3756
gccctcacca tgatccctct ccaaagtgg tgtctttctt taccttgtgt cttctcttgt 3816
aaaaatgaaa ctcaaaaata aaataaatgt gtcaaatttt gaaaaaaaaa gaaaactgaa 3876
aaagctaaca tgaatttgtt gaaattgcat aatgcigtta tgctaataca caatatgtaa 3936
tgctatcttg tatgttgaat ttgttaatgc accacacaag tgcaaaataa agactgattc 3996
acatt 4001

【 0 3 7 9 】

<210> 54

<211> 105

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 54

```

Pro Gly Asn Pro Tyr Val Lys Val Asn Val Tyr Tyr Gly Arg Lys Arg
  1             5             10             15
Ile Ala Lys Lys Lys Thr His Val Lys Lys Cys Thr Leu Asn Pro Ile
          20             25             30
Phe Asn Glu Ser Phe Ile Tyr Asp Ile Pro Thr Asp Leu Leu Pro Asp
          35             40             45
Ile Ser Ile Glu Phe Leu Val Ile Asp Phe Asp Arg Thr Thr Lys Asn
          50             55             60
Glu Val Val Gly Arg Leu Ile Leu Gly Ala His Ser Val Thr Ala Ser
          65             70             75             80
Gly Ala Glu His Trp Arg Glu Val Cys Glu Ser Pro Arg Lys Pro Val
          85             90             95
Ala Lys Trp His Ser Leu Ser Glu Tyr
          100             105

```

【 0 3 8 0 】

<210> 55

<211> 952

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (118)..(909)

<400> 55

```

tgaactctgg atgctgttag cctgagactc aggaagacaa cttctgcagg gtcactccct 60
ggcttctgga ggaaagagaa ggagggcagt gctccagtgg tacagaagtg agacata    117
atg gaa tca ggc ttc acc tcc aag gac acc tat cta agc cat ttt aac    165
Met Glu Ser Gly Phe Thr Ser Lys Asp Thr Tyr Leu Ser His Phe Asn
  1             5             10             15

```

cct cgg gat tac cta gaa aaa tat tac aag ttt ggt tct agg cac tct	213
Pro Arg Asp Tyr Leu Glu Lys Tyr Tyr Lys Phe Gly Ser Arg His Ser	
20 25 30	
gca gaa agc cag att ctt aag cac ctt ctg aaa aat ctt ttc aag ata	261
Ala Glu Ser Gln Ile Leu Lys His Leu Leu Lys Asn Leu Phe Lys Ile	
35 40 45	
ttc tgc cta gac ggt gtg aag gga gac ctg ctg att gac atc ggc tct	309
Phe Cys Leu Asp Gly Val Lys Gly Asp Leu Leu Ile Asp Ile Gly Ser	
50 55 60	
ggc ccc act atc tat cag ctc ctc tct gct tgt gaa tcc ttt aag gag	357
Gly Pro Thr Ile Tyr Gln Leu Leu Ser Ala Cys Glu Ser Phe Lys Glu	
65 70 75 80	
atc gtc gtc act gac tac tca gac cag aac ctg cag gag ctg gag aag	405
Ile Val Val Thr Asp Tyr Ser Asp Gln Asn Leu Gln Glu Leu Glu Lys	
85 90 95	
tgg ctg aag aaa gag cca gag gcc ttt gac tgg tcc cca gtg gtg acc	453
Trp Leu Lys Lys Glu Pro Glu Ala Phe Asp Trp Ser Pro Val Val Thr	
100 105 110	
tat gtg tgt gat ctt gaa ggg aac aga gtc aag ggt cca gag aag gag	501
Tyr Val Cys Asp Leu Glu Gly Asn Arg Val Lys Gly Pro Glu Lys Glu	
115 120 125	
gag aag ttg aga cag gcg gtc aag cag gtg ctg aag tgt gat gtg act	549
Glu Lys Leu Arg Gln Ala Val Lys Gln Val Leu Lys Cys Asp Val Thr	
130 135 140	
cag agc cag cca ctg ggg gcc gtc ccc tta ccc ccg gct gac tgc gtg	597
Gln Ser Gln Pro Leu Gly Ala Val Pro Leu Pro Pro Ala Asp Cys Val	
145 150 155 160	
ctc agc aca ctg tgt ctg gat gcc gcc tgc cca gac ctc ccc acc tac	645
Leu Ser Thr Leu Cys Leu Asp Ala Ala Cys Pro Asp Leu Pro Thr Tyr	

165	170	175	
tgc agg gcg ctc agg aac ctc ggc agc cta ctg aag cca ggg ggc ttc			693
Cys Arg Ala Leu Arg Asn Leu Gly Ser Leu Leu Lys Pro Gly Gly Phe			
180	185	190	
ctg gtg atc atg gat gcg ctc aag agc agc tac tac atg att ggt gag			741
Leu Val Ile Met Asp Ala Leu Lys Ser Ser Tyr Tyr Met Ile Gly Glu			
195	200	205	
cag aag ttc tcc agc ctc ccc ctg ggc cgg gag gca gta gag gct gct			789
Gln Lys Phe Ser Ser Leu Pro Leu Gly Arg Glu Ala Val Glu Ala Ala			
210	215	220	
gtg aaa gag gct ggc tac aca atc gaa tgg ttt gag gtg atc tcg caa			837
Val Lys Glu Ala Gly Tyr Thr Ile Glu Trp Phe Glu Val Ile Ser Gln			
225	230	235	240
agt tat tct tcc acc atg gcc aac aac gaa gga ctt ttc tcc ctg gtg			885
Ser Tyr Ser Ser Thr Met Ala Asn Asn Glu Gly Leu Phe Ser Leu Val			
245	250	255	
gcg agg aag ctg agc aga ccc ctg tgatgcctgt gacctcaatt aaagcaattc			939
Ala Arg Lys Leu Ser Arg Pro Leu			
260			
ctttgacctg tca			952

【 0 3 8 1 】

<210> 56

<211> 264

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 56

Met Glu Ser Gly Phe Thr Ser Lys Asp Thr Tyr Leu Ser His Phe Asn

1

5

10

15

Pro Arg Asp Tyr Leu Glu Lys Tyr Tyr Lys Phe Gly Ser Arg His Ser

20	25	30
Ala Glu Ser Gln Ile Leu Lys His Leu Leu Lys Asn Leu Phe Lys Ile		
35	40	45
Phe Cys Leu Asp Gly Val Lys Gly Asp Leu Leu Ile Asp Ile Gly Ser		
50	55	60
Gly Pro Thr Ile Tyr Gln Leu Leu Ser Ala Cys Glu Ser Phe Lys Glu		
65	70	75
Ile Val Val Thr Asp Tyr Ser Asp Gln Asn Leu Gln Glu Leu Glu Lys		
85	90	95
Trp Leu Lys Lys Glu Pro Glu Ala Phe Asp Trp Ser Pro Val Val Thr		
100	105	110
Tyr Val Cys Asp Leu Glu Gly Asn Arg Val Lys Gly Pro Glu Lys Glu		
115	120	125
Glu Lys Leu Arg Gln Ala Val Lys Gln Val Leu Lys Cys Asp Val Thr		
130	135	140
Gln Ser Gln Pro Leu Gly Ala Val Pro Leu Pro Pro Ala Asp Cys Val		
145	150	155
Leu Ser Thr Leu Cys Leu Asp Ala Ala Cys Pro Asp Leu Pro Thr Tyr		
165	170	175
Cys Arg Ala Leu Arg Asn Leu Gly Ser Leu Leu Lys Pro Gly Gly Phe		
180	185	190
Leu Val Ile Met Asp Ala Leu Lys Ser Ser Tyr Tyr Met Ile Gly Glu		
195	200	205
Gln Lys Phe Ser Ser Leu Pro Leu Gly Arg Glu Ala Val Glu Ala Ala		
210	215	220
Val Lys Glu Ala Gly Tyr Thr Ile Glu Trp Phe Glu Val Ile Ser Gln		
225	230	235
Ser Tyr Ser Ser Thr Met Ala Asn Asn Glu Gly Leu Phe Ser Leu Val		
245	250	255

Ala Arg Lys Leu Ser Arg Pro Leu

260

【 0 3 8 2 】

<210> 57

<211> 2617

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (94)..(633)

<400> 57

tagaggatcc aagcttacgt acgcgtccgg agaccgcttg tgctggagtc ggagttgtaa 60
cgctccactg actgatagag cgaccggccg acc atg gcg ccc gga gtg gcc cgc 114

Met Ala Pro Gly Val Ala Arg

1

5

ggg ccg acg ccg tac tgg agg ttg cgc ctc ggt ggc gcc gcg ctg ctc 162
Gly Pro Thr Pro Tyr Trp Arg Leu Arg Leu Gly Gly Ala Ala Leu Leu

10

15

20

ctg ctg ctc atc ccg gtg gcc gcc gcg cag gag cct ccc gga gct gct 210
Leu Leu Leu Ile Pro Val Ala Ala Ala Gln Glu Pro Pro Gly Ala Ala

25

30

35

tgt tct cag aac aca aac aaa acc tgt gaa gag tgc ctg aag aac gtc 258
Cys Ser Gln Asn Thr Asn Lys Thr Cys Glu Glu Cys Leu Lys Asn Val

40

45

50

55

tcc tgt ctt tgg tgc aac act aac aag gct tgt ctg gac tac cca gtt 306
Ser Cys Leu Trp Cys Asn Thr Asn Lys Ala Cys Leu Asp Tyr Pro Val

60

65

70

aca agc gtc ttg cca ccg gct tcc ctt tgt aaa ttg agc tct gca cgc 354
Thr Ser Val Leu Pro Pro Ala Ser Leu Cys Lys Leu Ser Ser Ala Arg

75	80	85	
tgg gga gtt tgt tgg gtg aac ttt gag gcg ctg atc atc acc atg tcg	402		
Trp Gly Val Cys Trp Val Asn Phe Glu Ala Leu Ile Ile Thr Met Ser			
90	95	100	
gta gtc ggg gga acc ctc ctc ctg ggc att gcc atc tgc tgc tgc tgc	450		
Val Val Gly Gly Thr Leu Leu Leu Gly Ile Ala Ile Cys Cys Cys Cys			
105	110	115	
tgc tgc agg agg aag agg agc cgg aag ccg gac agg agt gag gag aag	498		
Cys Cys Arg Arg Lys Arg Ser Arg Lys Pro Asp Arg Ser Glu Glu Lys			
120	125	130	135
gcc atg cgt gag cgg gag gag agg cgg ata cgg cag gag gaa cgg aga	546		
Ala Met Arg Glu Arg Glu Glu Arg Arg Ile Arg Gln Glu Glu Arg Arg			
140	145	150	
gca gag atg aag aca aga cat gat gaa atc aga aaa aaa tat ggc ctg	594		
Ala Glu Met Lys Thr Arg His Asp Glu Ile Arg Lys Lys Tyr Gly Leu			
155	160	165	
ttt aaa gaa gaa aac ccg tat gct aga ttt gaa aac aac taaagcgctc	643		
Phe Lys Glu Glu Asn Pro Tyr Ala Arg Phe Glu Asn Asn			
170	175	180	
cagcacatca gtcccgacgc ttcctgtgag gtgcactccg cagcccagcc cagccgggag	703		
accacgtggc cattgcggtc tctgacctt ggccagtga cctgccagcc ttccaggaca	763		
ggcggccgga gagctgcccc tgaaggacag tcctctcgtc ttgcagactg gtgaccttct	823		
attccctggt catctctgtt tctagattta gtcacttgaa ataagaaatc tttggggttt	883		
gggctttttt atactcttct cagtttgtga aacgctaact gcacacgaag ccgcctgacg	943		
gcaccagcg ctgtggctgt cattctccca gggcagaacc ctgcgtttct ctctgtccac	1003		
taacaagctt cacacgcaac acagggaagt cggtttgact tttgtcatga ggagaactga	1063		
ccagccctca tcattcccca taaaaccacg gacagcgtct gtgtgcgcat cttgagtctt	1123		
cacacctgtt gactcacacg gcttttgctg atgacacggg gctccagtac acagtctgat	1183		
aaggacttaa cgtcctaacc tcaattgtat taaatagcat tggggaatag ctaaaccitt	1243		

ttaaaaaaat ttattggatt ttcttcctg cttaaaagat ttcaccagaa aaccttcata 1303
 taaaaattca ggcccttttt ggacaatttt taaaatttgt atctttacta gaacatgaga 1363
 atctttttcc cttggaagct tgaattataa atgtggtgtt tggcctgcct cagcagcacc 1423
 agttgactgc tcgtgtgcca gcggtgtggg gaggacgggg caggacgctg cagctctctc 1483
 cagccctgtt ggcatcctca gtgcctgcag gcctctcgtt gcctcttggg ctgtctgggg 1543
 ggtggccatt tagggatcgt ggggacgggg tccaccccaa gaagaaagaa aggcccgctc 1603
 acaggcccgg ctctggccac gtgccccgga agcaggtgtg tccagagtca gctgagggct 1663
 ctccccacac caccagcag gcgctgggtc tccttctgcc tcatgggacc agtccagctt 1723
 ccagccgctc tggctcgagg gtggtctgac cacttcttc tgagtgggct tctctgggag 1783
 ctctccagtg gcactgctgg acctgcccac gtttctgtaa aatcaggata cgtggcttta 1843
 gtaagcagac caagcgcttc gtggcagggg aagcagcgtg cggggaagtc actgaaaagt 1903
 gctgcctaag gaagtttggg aatagtcctc gttccagatt gccttgaatt ttaaaacatt 1963
 ttgctttggg aaagtaggtc agcagcacct aagatcaagg atgcgttcca ttttcacact 2023
 tcacagtcac gaaaactgag aagactgtct tcagcgtgaa ctaaagtca caggcagatc 2083
 actgatccag aacacttcaa gaactcgcca aacagctcga taagcctttt tgactgtgta 2143
 catctgtacc gggaataaca ttccataggct gaaatttcca caaagaatag aacctgtacc 2203
 cagttcttca ggctgatttc cctgacctct tgggcatttg tattttagt aaagtattgc 2263
 agagattcct aagtatttta tagcagccat caaaattgga ctttgtattg tttattcata 2323
 aaagacactt ggtaatagac ttcagtgaac tctgtatgaa tgcagtagtg tgtgtgcaaa 2383
 atccgcttcc tgagcgtagg gtgctgagct ggcgctaggg ctcggttggt aaatacagcg 2443
 tagtcagccc ttgcgctcag ttagaaaacc cacgtctgta aggtcgtctc tcgtccatct 2503
 gcttttttct gaaatacact aagagcagcc acaaaactgt aacctcaagg aaaccataaa 2563
 gcttgagtg ccttaatttt taaccagttt ccaataaaac ggtttactac ctga 2617

【 0 3 8 3 】

<210> 58

<211> 180

<212> PRT

<213> H ~~no~~ sapiens

<400> 58

Met Ala Pro Gly Val Ala Arg Gly Pro Thr Pro Tyr Trp Arg Leu Arg
 1 5 10 15
 Leu Gly Gly Ala Ala Leu Leu Leu Leu Ile Pro Val Ala Ala Ala
 20 25 30
 Gln Glu Pro Pro Gly Ala Ala Cys Ser Gln Asn Thr Asn Lys Thr Cys
 35 40 45
 Glu Glu Cys Leu Lys Asn Val Ser Cys Leu Trp Cys Asn Thr Asn Lys
 50 55 60
 Ala Cys Leu Asp Tyr Pro Val Thr Ser Val Leu Pro Pro Ala Ser Leu
 65 70 75 80
 Cys Lys Leu Ser Ser Ala Arg Trp Gly Val Cys Trp Val Asn Phe Glu
 85 90 95
 Ala Leu Ile Ile Thr Met Ser Val Val Gly Gly Thr Leu Leu Leu Gly
 100 105 110
 Ile Ala Ile Cys Cys Cys Cys Cys Cys Arg Arg Lys Arg Ser Arg Lys
 115 120 125
 Pro Asp Arg Ser Glu Glu Lys Ala Met Arg Glu Arg Glu Glu Arg Arg
 130 135 140
 Ile Arg Gln Glu Glu Arg Arg Ala Glu Met Lys Thr Arg His Asp Glu
 145 150 155 160
 Ile Arg Lys Lys Tyr Gly Leu Phe Lys Glu Glu Asn Pro Tyr Ala Arg
 165 170 175
 Phe Glu Asn Asn

180

【 0 3 8 4 】

<210> 59

<211> 3217

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (469)..(1875)

<400> 59

gtcggctctcc gccagctagg atctcccccg ccgtccgccc ccgcccctcg tctgcctccc 60
ccgcccgcgc ctccgcccgc gcttcccttt cctgcctcgc gcccactcc ctttccctccc 120
ctccctgttt cccttcctgt ccttcccagc tcacgctctc tttccctgcc gcctgccttt 180
cttttttccct ttttttgcatt tggcgtcttg gggctgttac acacacgcgc gctgtccatt 240
gcagcttaca taaaggcggg cgcgattatg caattatatt gtttagcgata tttcaagagc 300
aatggctcgt tttcttagga tttcaacacg aaggcatcat gcatttttga aaaactagta 360
ttgagaataa taccttgcaa cgtaaagaat gtttttttgt atttttacac aatctctact 420
ttgaccaaac gagtctggac agttttcttt taatggaaaa taggagaa atg gag gaa 477

Met Glu Glu

1

aga atg gaa atg att tct gaa agg cca aaa gag agt atg tat tcc tgg 525

Arg Met Glu Met Ile Ser Glu Arg Pro Lys Glu Ser Met Tyr Ser Trp

5

10

15

aac aaa act gca gag aaa agt gat ttt gaa gct gta gaa gca ctt atg 573

Asn Lys Thr Ala Glu Lys Ser Asp Phe Glu Ala Val Glu Ala Leu Met

20

25

30

35

tca atg agc tgc agt tgg aag tct gat ttt aag aaa tac gtt gaa aac 621

Ser Met Ser Cys Ser Trp Lys Ser Asp Phe Lys Lys Tyr Val Glu Asn

40

45

50

aga cct gtt aca cca gta tct gat ttg tca gag gaa gag aat ctg ctt 669

Arg Pro Val Thr Pro Val Ser Asp Leu Ser Glu Glu Glu Asn Leu Leu

55

60

65

ccg gga aca cct gat ttt cat aca atc cca gca ttt tgt ttg act cca 717

Pro Gly Thr Pro Asp Phe His Thr Ile Pro Ala Phe Cys Leu Thr Pro

70

75

80

cct tac agt cct tct gac ttt gaa ccc tct caa gtg tca aat ctg atg	765
Pro Tyr Ser Pro Ser Asp Phe Glu Pro Ser Gln Val Ser Asn Leu Met	
85 90 95	
gca cca gcg cca tct act gta cac ttc aag tca ctc tca gat act gcc	813
Ala Pro Ala Pro Ser Thr Val His Phe Lys Ser Leu Ser Asp Thr Ala	
100 105 110 115	
aaa cct cac att gcc gca cct ttc aaa gag gaa gaa aag agc cca gta	861
Lys Pro His Ile Ala Ala Pro Phe Lys Glu Glu Glu Lys Ser Pro Val	
120 125 130	
tct gcc ccc aaa ctc ccc aaa gct cag gca aca agt gtg att cgt cat	909
Ser Ala Pro Lys Leu Pro Lys Ala Gln Ala Thr Ser Val Ile Arg His	
135 140 145	
aca gct gat gcc cag cta tgt aac cac cag acc tgc cca atg aaa gca	957
Thr Ala Asp Ala Gln Leu Cys Asn His Gln Thr Cys Pro Met Lys Ala	
150 155 160	
gcc agc atc ctc aac tat cag aac aat tct ttt aga aga aga acc cac	1005
Ala Ser Ile Leu Asn Tyr Gln Asn Asn Ser Phe Arg Arg Arg Thr His	
165 170 175	
cta aat gtt gag gct gca aga aag aac ata cca tgt gcc gct gtg tca	1053
Leu Asn Val Glu Ala Ala Arg Lys Asn Ile Pro Cys Ala Ala Val Ser	
180 185 190 195	
cca aac aga tcc aaa tgt gag aga aac aca gtg gca gat gtt gat gag	1101
Pro Asn Arg Ser Lys Cys Glu Arg Asn Thr Val Ala Asp Val Asp Glu	
200 205 210	
aaa gca agt gct gca ctt tat gac ttt tct gtg cct tcc tca gag acg	1149
Lys Ala Ser Ala Ala Leu Tyr Asp Phe Ser Val Pro Ser Ser Glu Thr	
215 220 225	
gtc atc tgc agg tct cag cca gcc cct gtg tcc cca caa cag aag tca	1197
Val Ile Cys Arg Ser Gln Pro Ala Pro Val Ser Pro Gln Gln Lys Ser	

230	235	240	
gtg ttg gtc tct cca cct gca gta tct gca ggg gga gtg cca cct atg			1245
Val Leu Val Ser Pro Pro Ala Val Ser Ala Gly Gly Val Pro Pro Met			
245	250	255	
ccg gtc atc tgc cag atg gtt ccc ctt cct gcc aac aac cct gtt gtg			1293
Pro Val Ile Cys Gln Met Val Pro Leu Pro Ala Asn Asn Pro Val Val			
260	265	270	275
aca aca gtc gtt ccc agc act cct ccc agc cag cca cca gct gtt tgc			1341
Thr Thr Val Val Pro Ser Thr Pro Pro Ser Gln Pro Pro Ala Val Cys			
280	285	290	
ccc cct gtt gtg ttc atg ggc aca caa gtc ccc aaa ggc gct gtc atg			1389
Pro Pro Val Val Phe Met Gly Thr Gln Val Pro Lys Gly Ala Val Met			
295	300	305	
ttt gtg gta ccc cag ccc gtt gtg cag agt tca aag cct ccg gtg gtg			1437
Phe Val Val Pro Gln Pro Val Val Gln Ser Ser Lys Pro Pro Val Val			
310	315	320	
agc ccg aat ggc acc aga ctc tct ccc att gcc cct gct cct ggg ttt			1485
Ser Pro Asn Gly Thr Arg Leu Ser Pro Ile Ala Pro Ala Pro Gly Phe			
325	330	335	
tcc cct tca gca gca aaa gtc act cct cag att gat tca tca agg ata			1533
Ser Pro Ser Ala Ala Lys Val Thr Pro Gln Ile Asp Ser Ser Arg Ile			
340	345	350	355
agg agt cac atc tgt agc cac cca gga tgt ggc aag aca tac ttt aaa			1581
Arg Ser His Ile Cys Ser His Pro Gly Cys Gly Lys Thr Tyr Phe Lys			
360	365	370	
agt tcc cat ctg aag gcc cac acg agg acg cac aca gga gaa aag cct			1629
Ser Ser His Leu Lys Ala His Thr Arg Thr His Thr Gly Glu Lys Pro			
375	380	385	
ttc agc tgt agc tgg aaa ggt tgt gaa agg agg ttt gcc cgt tct gat			1677

Phe Ser Cys Ser Trp Lys Gly Cys Glu Arg Arg Phe Ala Arg Ser Asp
 390 395 400
 gaa ctg tcc aga cac agg cga acc cac acg ggt gag aag aaa ttt gcg 1725
 Glu Leu Ser Arg His Arg Arg Thr His Thr Gly Glu Lys Lys Phe Ala
 405 410 415
 tgc ccc atg tgt gac cgg cgg ttc atg agg agt gac cat ttg acc aag 1773
 Cys Pro Met Cys Asp Arg Arg Phe Met Arg Ser Asp His Leu Thr Lys
 420 425 430 435
 cat gcc cgg cgc cat cta tca gcc aag aag cta cca aac tgg cag atg 1821
 His Ala Arg Arg His Leu Ser Ala Lys Lys Leu Pro Asn Trp Gln Met
 440 445 450
 gaa gtg agc aag cta aat gac att gct cta cct cca acc cct gct ccc 1869
 Glu Val Ser Lys Leu Asn Asp Ile Ala Leu Pro Pro Thr Pro Ala Pro
 455 460 465
 aca cag tgacagaccg gaaagtgaag agtcagaact aactttgggtc tcagcgggag 1925
 Thr Gln
 ccagtgggtga tgtaaaaatg ctccactgc aagtctgtgg cccacacaacg tggcttaaag 1985
 cagaagcccc acagcctggc acgaaggccc cgtctgggtt aggtgactaa aagggttcg 2045
 gccacaggca ggacacagaa aggcaggttt catttcttat cacataagag agatgagaaa 2105
 gcttttattc ctttgaatat ttttgaagg ttccagatga ggtcaacaca ggtagcacag 2165
 attttgaatc tgtgtgcata ttgtttactt tactttttgc tgtttatact tgagaccaac 2225
 ttttcaatgt gattcttcta aagcactggg ttcaagaata tggaggctgg aaggaaataa 2285
 acattacggg acagacatgg agatgtaaaa tgagtttgta ttattacaaa tattgtcatc 2345
 tttttctaga gttatcttct ttattattcc tagtctttcc agtcaacatc gtggatgtag 2405
 tgattaaata tatctagaac tatcattttt acactattgt gaatatttgg aattgaacga 2465
 ctgtatattg ctaagagggc caaagaattg gaatcctcct taatttaatt gctttgaagc 2525
 atagctacaa tttgtttttg catttttggt ttgaaagttt aacaaatgac tgtatctagg 2585
 catttcatta tgctttgaac tttagtttgc ctgcagtttc ttgtgtagat ttgaaaattg 2645
 tataccaacg tgttttctgt agactctaag atacactgca ctttgtttag aaaaaaaact 2705

gaagatgaaa tatatatgtt aaagaaggga tattaagaat cttagataac ttcttgaaaa 2765
 agatggctta tgtcatcagc aaagtacctc catgttatga ggatataatg tgtgcttcat 2825
 tgaattagaa aattagtac cattattcac aggtggacaa atgttgcct gtaatttat 2885
 aggagttttt tgggatgtgg aggtagtgg gtagaaaaat tattagaaca ttcacttttg 2945
 ttaacagtat ttctctttta ttctgttata tagtggatga tatacacagt ggcaaaacaa 3005
 aagtacattg cttaaaatat atagtgaaaa atgtcactat atcttcccat ttaacattgt 3065
 ttttgatat tgggtgtaga tttctgacat caaaacttgg acccttggaa aacaaaagtt 3125
 ttaattaaaa aaaatccttg tgacttaca tttgcacaat atttctttg ttgtacttta 3185
 tatcttgttt acaataaaga attcccttgc gc 3217

[0 3 8 5]

<210> 60

<211> 469

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 60

Met Glu Glu Arg Met Glu Met Ile Ser Glu Arg Pro Lys Glu Ser Met

1 5 10 15

Tyr Ser Trp Asn Lys Thr Ala Glu Lys Ser Asp Phe Glu Ala Val Glu

20 25 30

Ala Leu Met Ser Met Ser Cys Ser Trp Lys Ser Asp Phe Lys Lys Tyr

35 40 45

Val Glu Asn Arg Pro Val Thr Pro Val Ser Asp Leu Ser Glu Glu Glu

50 55 60

Asn Leu Leu Pro Gly Thr Pro Asp Phe His Thr Ile Pro Ala Phe Cys

65 70 75 80

Leu Thr Pro Pro Tyr Ser Pro Ser Asp Phe Glu Pro Ser Gln Val Ser

85 90 95

Asn Leu Met Ala Pro Ala Pro Ser Thr Val His Phe Lys Ser Leu Ser

100 105 110

Asp Thr Ala Lys Pro His Ile Ala Ala Pro Phe Lys Glu Glu Glu Lys
 115 120 125
 Ser Pro Val Ser Ala Pro Lys Leu Pro Lys Ala Gln Ala Thr Ser Val
 130 135 140
 Ile Arg His Thr Ala Asp Ala Gln Leu Cys Asn His Gln Thr Cys Pro
 145 150 155 160
 Met Lys Ala Ala Ser Ile Leu Asn Tyr Gln Asn Asn Ser Phe Arg Arg
 165 170 175
 Arg Thr His Leu Asn Val Glu Ala Ala Arg Lys Asn Ile Pro Cys Ala
 180 185 190
 Ala Val Ser Pro Asn Arg Ser Lys Cys Glu Arg Asn Thr Val Ala Asp
 195 200 205
 Val Asp Glu Lys Ala Ser Ala Ala Leu Tyr Asp Phe Ser Val Pro Ser
 210 215 220
 Ser Glu Thr Val Ile Cys Arg Ser Gln Pro Ala Pro Val Ser Pro Gln
 225 230 235 240
 Gln Lys Ser Val Leu Val Ser Pro Pro Ala Val Ser Ala Gly Gly Val
 245 250 255
 Pro Pro Met Pro Val Ile Cys Gln Met Val Pro Leu Pro Ala Asn Asn
 260 265 270
 Pro Val Val Thr Thr Val Val Pro Ser Thr Pro Pro Ser Gln Pro Pro
 275 280 285
 Ala Val Cys Pro Pro Val Val Phe Met Gly Thr Gln Val Pro Lys Gly
 290 295 300
 Ala Val Met Phe Val Val Pro Gln Pro Val Val Gln Ser Ser Lys Pro
 305 310 315 320
 Pro Val Val Ser Pro Asn Gly Thr Arg Leu Ser Pro Ile Ala Pro Ala
 325 330 335
 Pro Gly Phe Ser Pro Ser Ala Ala Lys Val Thr Pro Gln Ile Asp Ser

340	345	350
Ser Arg Ile Arg Ser His Ile Cys Ser His Pro Gly Cys Gly Lys Thr		
355	360	365
Tyr Phe Lys Ser Ser His Leu Lys Ala His Thr Arg Thr His Thr Gly		
370	375	380
Glu Lys Pro Phe Ser Cys Ser Trp Lys Gly Cys Glu Arg Arg Phe Ala		
385	390	395
Arg Ser Asp Glu Leu Ser Arg His Arg Arg Thr His Thr Gly Glu Lys		
405	410	415
Lys Phe Ala Cys Pro Met Cys Asp Arg Arg Phe Met Arg Ser Asp His		
420	425	430
Leu Thr Lys His Ala Arg Arg His Leu Ser Ala Lys Lys Leu Pro Asn		
435	440	445
Trp Gln Met Glu Val Ser Lys Leu Asn Asp Ile Ala Leu Pro Pro Thr		
450	455	460
Pro Ala Pro Thr Gln		
465		

【 0 3 8 6 】

<210> 61

<211> 1428

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (125)..(868)

<400> 61

cgagctgata aaggcgccat tttggagggg ccgcgggaga cgtggtgccg ctgcgggctc 60
gctctgccgt gcgctaggct tgggtgggaag gcctgttctc gagtccgcgc ttttcgtcac 120
cgcc atg tcg gga ggt ggt gtg att cgt ggc ccc gca ggg aac aac gat 169

Met Ser Gly Gly Gly Val Ile Arg Gly Pro Ala Gly Asn Asn Asp																
1				5				10				15				
tgc	cgc	atc	tac	gtg	ggt	aac	tta	cct	cca	gac	atc	cga	acc	aag	gac	217
Cys	Arg	Ile	Tyr	Val	Gly	Asn	Leu	Pro	Pro	Asp	Ile	Arg	Thr	Lys	Asp	
20				25				30								
att	gag	gac	gtg	ttc	tac	aaa	tac	ggc	gct	atc	cgc	gac	atc	gac	ctc	265
Ile	Glu	Asp	Val	Phe	Tyr	Lys	Tyr	Gly	Ala	Ile	Arg	Asp	Ile	Asp	Leu	
35				40				45								
aag	aat	cgc	cgc	ggg	gga	ccg	ccc	ttc	gcc	ttc	ggt	gag	ttc	gag	gac	313
Lys	Asn	Arg	Arg	Gly	Gly	Pro	Pro	Phe	Ala	Phe	Val	Glu	Phe	Glu	Asp	
50				55				60								
ccg	cga	gac	gcg	gaa	gac	gcg	gtg	tat	ggt	cgc	gac	ggc	tat	gat	tac	361
Pro	Arg	Asp	Ala	Glu	Asp	Ala	Val	Tyr	Gly	Arg	Asp	Gly	Tyr	Asp	Tyr	
65				70				75								
gat	ggg	tac	cgt	ctg	cgg	gtg	gag	ttt	cct	cga	agc	ggc	cgt	gga	aca	409
Asp	Gly	Tyr	Arg	Leu	Arg	Val	Glu	Phe	Pro	Arg	Ser	Gly	Arg	Gly	Thr	
80				85				90				95				
ggc	cga	ggc	ggc	ggc	ggg	ggt	gga	ggt	ggc	gga	gct	ccc	cga	ggt	cgc	457
Gly	Arg	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Gly	Ala	Pro	Arg	Gly	Arg
100				105				110								
tat	ggc	ccc	cca	tcc	agg	cgg	tct	gaa	aac	aga	gtg	ggt	gtc	tct	gga	505
Tyr	Gly	Pro	Pro	Ser	Arg	Arg	Ser	Glu	Asn	Arg	Val	Val	Val	Ser	Gly	
115				120				125								
ctg	cct	cca	agt	gga	agt	tgg	cag	gat	tta	aag	gat	cac	atg	cgt	gaa	553
Leu	Pro	Pro	Ser	Gly	Ser	Trp	Gln	Asp	Leu	Lys	Asp	His	Met	Arg	Glu	
130				135				140								
gca	ggt	gat	gta	tgt	tat	gct	gat	ggt	tac	cga	gat	ggc	act	ggt	gtc	601
Ala	Gly	Asp	Val	Cys	Tyr	Ala	Asp	Val	Tyr	Arg	Asp	Gly	Thr	Gly	Val	
145				150				155								

gtg gag ttt gta cgg aaa gaa gat atg acc tat gca gtt cga aaa ctg 649
Val Glu Phe Val Arg Lys Glu Asp Met Thr Tyr Ala Val Arg Lys Leu
160 165 170 175
gat aac act aag ttt aga tct cat gag gga gaa act gcc tac atc cgg 697
Asp Asn Thr Lys Phe Arg Ser His Glu Gly Glu Thr Ala Tyr Ile Arg
180 185 190
gtt aaa gtt gat ggg ccc aga agt cca agt tat gga aga tct cga tct 745
Val Lys Val Asp Gly Pro Arg Ser Pro Ser Tyr Gly Arg Ser Arg Ser
195 200 205
cga agc cgt agt cgt agc aga agc cgt agc aga agc aac agc agg agt 793
Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Asn Ser Arg Ser
210 215 220
cgc agt tac tcc cca agg aga agc aga gga tca cca cgc tat tct ccc 841
Arg Ser Tyr Ser Pro Arg Arg Ser Arg Gly Ser Pro Arg Tyr Ser Pro
225 230 235
cgt cat agc aga tct cgc tct cgt aca taagatgatt ggtgacactt 888
Arg His Ser Arg Ser Arg Ser Arg Thr
240 245
ttttagaac ccatgttgta tacagttttc ctttattcag tacaatcttt tcatttttta 948
attcaaactg ttttgttcag aatgggctaa agtgttgaat tgcattcttg taatatcccc 1008
ttgctcctaa catctacatt cccttcgtgt ctttgataaa ttgtatttta agtgatgtca 1068
tagacaggat tgtttaaatt tagttaactc catactcttc agactgtgat attgtgtaaa 1128
tgtctatctg ccctggtttg tgtgaactgg gatgttgggg gtgtttgtgg ttatcttacc 1188
tggggaagtt cttatgttta tcttgctttt catgtgtctt tctgtagaca tatctgaaga 1248
gatggattaa gaatgctttg gattaaggat tgtggagcac atttcaatca ttttaggatt 1308
gtcaaaagga ggattgagga ggatcagatc aataatggag gcaatggtat gactccaagt 1368
gctattgtca cagatgaaat tggcagtatt gaccttatac taaaaggcag gggctaaaaa 1428

【 0 3 8 7 】

<210> 62

<211> 248

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 62

Met Ser Gly Gly Gly Val Ile Arg Gly Pro Ala Gly Asn Asn Asp Cys

1 5 10 15

Arg Ile Tyr Val Gly Asn Leu Pro Pro Asp Ile Arg Thr Lys Asp Ile

20 25 30

Glu Asp Val Phe Tyr Lys Tyr Gly Ala Ile Arg Asp Ile Asp Leu Lys

35 40 45

Asn Arg Arg Gly Gly Pro Pro Phe Ala Phe Val Glu Phe Glu Asp Pro

50 55 60

Arg Asp Ala Glu Asp Ala Val Tyr Gly Arg Asp Gly Tyr Asp Tyr Asp

65 70 75 80

Gly Tyr Arg Leu Arg Val Glu Phe Pro Arg Ser Gly Arg Gly Thr Gly

85 90 95

Arg Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Gly Ala Pro Arg Gly Arg Tyr

100 105 110

Gly Pro Pro Ser Arg Arg Ser Glu Asn Arg Val Val Val Ser Gly Leu

115 120 125

Pro Pro Ser Gly Ser Trp Gln Asp Leu Lys Asp His Met Arg Glu Ala

130 135 140

Gly Asp Val Cys Tyr Ala Asp Val Tyr Arg Asp Gly Thr Gly Val Val

145 150 155 160

Glu Phe Val Arg Lys Glu Asp Met Thr Tyr Ala Val Arg Lys Leu Asp

165 170 175

Asn Thr Lys Phe Arg Ser His Glu Gly Glu Thr Ala Tyr Ile Arg Val

180 185 190

Lys Val Asp Gly Pro Arg Ser Pro Ser Tyr Gly Arg Ser Arg Ser Arg

195	200	205
Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Arg Ser Asn Ser Arg Ser Arg		
210	215	220
Ser Tyr Ser Pro Arg Arg Ser Arg Gly Ser Pro Arg Tyr Ser Pro Arg		
225	230	235
His Ser Arg Ser Arg Ser Arg Thr		240
245		

【0 3 8 8】

<210> 63
 <211> 3664
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens
 <220>
 <221> CDS
 <222> (195)..(1943)
 <400> 63

```

atggggcctg aaactgtctg ggtctgagct ggggagcgga agccacttgt ccctctccct 60
ccccaggact tctgtgactc ctgggccaca gaggtccaac cagggttaagg gcctggggat 120
acccctgcc tggccccctt gcccaaactg gcaggggggc caggctgggc agcagcccct 180
ctttcacctc aact atg gat ctc ctg ccc ccc aag ccc aag tac aat cca 230
Met Asp Leu Leu Pro Pro Lys Pro Lys Tyr Asn Pro
1 5 10
ctc cgg aat gag tct ctg tca tcg ctg gag gaa ggg gct tct ggg tcc 278
Leu Arg Asn Glu Ser Leu Ser Ser Leu Glu Glu Gly Ala Ser Gly Ser
15 20 25
acc ccc ccg gag gag ctg cct tcc cca tca gct tca tcc ctg ggg ccc 326
Thr Pro Pro Glu Glu Leu Pro Ser Pro Ser Ala Ser Ser Leu Gly Pro
30 35 40
atc ctg cct cct ctg cct ggg gac gat agt ccc act acc ctg tgc tcc 374
    
```

Ile	Leu	Pro	Pro	Leu	Pro	Gly	Asp	Asp	Ser	Pro	Thr	Thr	Leu	Cys	Ser		
45					50					55					60		
ttc	ttc	ccc	cgg	atg	agc	aac	ctg	agg	ctg	gcc	aac	ccg	gct	ggg	ggg	422	
Phe	Phe	Pro	Arg	Met	Ser	Asn	Leu	Arg	Leu	Ala	Asn	Pro	Ala	Gly	Gly		
					65					70					75		
cgc	cca	ggg	tct	aag	ggg	gag	cca	gga	agg	gca	gct	gat	gat	ggg	gag	470	
Arg	Pro	Gly	Ser	Lys	Gly	Glu	Pro	Gly	Arg	Ala	Ala	Asp	Asp	Gly	Glu		
				80					85						90		
ggg	atc	gat	ggg	gca	gcc	atg	cca	gag	tca	ggc	ccc	cta	ccc	ctc	ctc	518	
Gly	Ile	Asp	Gly	Ala	Ala	Met	Pro	Glu	Ser	Gly	Pro	Leu	Pro	Leu	Leu		
		95					100					105					
cag	gac	atg	aac	aag	ctg	agt	gga	ggc	ggc	ggg	cgc	agg	act	cgg	gtg	566	
Gln	Asp	Met	Asn	Lys	Leu	Ser	Gly	Gly	Gly	Gly	Arg	Arg	Thr	Arg	Val		
	110					115					120						
gaa	ggg	ggc	cag	ctt	ggg	ggc	gag	gag	tgg	acc	cgc	cac	ggg	agc	ttt	614	
Glu	Gly	Gly	Gln	Leu	Gly	Gly	Glu	Glu	Trp	Thr	Arg	His	Gly	Ser	Phe		
	125				130					135					140		
gtc	aat	aag	ccc	acg	cgg	ggc	tgg	ctg	cat	ccc	aac	gac	aaa	gtc	atg	662	
Val	Asn	Lys	Pro	Thr	Arg	Gly	Trp	Leu	His	Pro	Asn	Asp	Lys	Val	Met		
				145						150					155		
gga	ccc	ggg	gtt	tcc	tac	ttg	gtt	cgg	tac	atg	ggt	tgt	gtg	gag	gtc	710	
Gly	Pro	Gly	Val	Ser	Tyr	Leu	Val	Arg	Tyr	Met	Gly	Cys	Val	Glu	Val		
			160					165						170			
ctc	cag	tca	atg	cgt	gcc	ctg	gac	ttc	aac	acc	cgg	act	cag	gtc	acc	758	
Leu	Gln	Ser	Met	Arg	Ala	Leu	Asp	Phe	Asn	Thr	Arg	Thr	Gln	Val	Thr		
			175					180						185			
agg	gag	gcc	atc	agt	ctg	gtg	tgt	gag	gct	gtg	ccg	ggt	gct	aag	ggg	806	
Arg	Glu	Ala	Ile	Ser	Leu	Val	Cys	Glu	Ala	Val	Pro	Gly	Ala	Lys	Gly		
	190						195								200		

gcg aca agg agg aga aag ccc tgt agc cgc ccg ctc agc tct atc ctg	854
Ala Thr Arg Arg Arg Lys Pro Cys Ser Arg Pro Leu Ser Ser Ile Leu	
205 210 215 220	
ggg agg agt aac ctg aaa ttt gct gga atg cca atc act ctc acc gtc	902
Gly Arg Ser Asn Leu Lys Phe Ala Gly Met Pro Ile Thr Leu Thr Val	
225 230 235	
tcc acc agc agc ctc aac ctc atg gcc gca gac tgc aaa cag atc atc	950
Ser Thr Ser Ser Leu Asn Leu Met Ala Ala Asp Cys Lys Gln Ile Ile	
240 245 250	
gcc aac cac cac atg caa tct atc tca ttt gca tcc ggc ggg gat ccg	998
Ala Asn His His Met Gln Ser Ile Ser Phe Ala Ser Gly Gly Asp Pro	
255 260 265	
gac aca gcc gag tat gtc gcc tat gtt gcc aaa gac cct gtg aat cag	1046
Asp Thr Ala Glu Tyr Val Ala Tyr Val Ala Lys Asp Pro Val Asn Gln	
270 275 280	
aga gcc tgc cac att ctg gag tgt ccc gaa ggg ctt gcc cag gat gtc	1094
Arg Ala Cys His Ile Leu Glu Cys Pro Glu Gly Leu Ala Gln Asp Val	
285 290 295 300	
atc agc acc att ggc cag gcc ttc gag ttg cgc ttc aaa caa tac ctc	1142
Ile Ser Thr Ile Gly Gln Ala Phe Glu Leu Arg Phe Lys Gln Tyr Leu	
305 310 315	
agg aac cca ccc aaa ctg gtc acc cct cat gac agg atg gct ggc ttt	1190
Arg Asn Pro Pro Lys Leu Val Thr Pro His Asp Arg Met Ala Gly Phe	
320 325 330	
gat ggc tca gca tgg gat gag gag gag gaa gag cca cct gac cat cag	1238
Asp Gly Ser Ala Trp Asp Glu Glu Glu Glu Glu Pro Pro Asp His Gln	
335 340 345	
tac tat aat gac ttc ccg ggg aag gaa ccc ccc ttg ggg ggg gtg gta	1286
Tyr Tyr Asn Asp Phe Pro Gly Lys Glu Pro Pro Leu Gly Gly Val Val	

350	355	360	
gac atg agg ctt cgg gaa gga gcc gct cca ggg gct gct cga ccc act			1334
Asp Met Arg Leu Arg Glu Gly Ala Ala Pro Gly Ala Ala Arg Pro Thr			
365	370	375	380
gca ccc aat gcc cag acc ccc agc cac ttg gga gct aca ttg cct gta			1382
Ala Pro Asn Ala Gln Thr Pro Ser His Leu Gly Ala Thr Leu Pro Val			
	385	390	395
gga cag cct gtt ggg gga gat cca gaa gtc cgc aaa cag atg cca cct			1430
Gly Gln Pro Val Gly Gly Asp Pro Glu Val Arg Lys Gln Met Pro Pro			
	400	405	410
cca cca ccc tgt cca ggc aga gag ctt ttt gat gat ccc tcc tat gtc			1478
Pro Pro Pro Cys Pro Gly Arg Glu Leu Phe Asp Asp Pro Ser Tyr Val			
	415	420	425
aac gtc cag aac cta gac aag gcc cgg caa gca gtg ggt ggt gct ggg			1526
Asn Val Gln Asn Leu Asp Lys Ala Arg Gln Ala Val Gly Gly Ala Gly			
	430	435	440
ccc ccc aat cct gct atc aat ggc agt gca ccc cgg gac ctg ttt gac			1574
Pro Pro Asn Pro Ala Ile Asn Gly Ser Ala Pro Arg Asp Leu Phe Asp			
445	450	455	460
atg aag ccc ttc gaa gat gct ctt cgg gtg cct cca cct ccc cag tcg			1622
Met Lys Pro Phe Glu Asp Ala Leu Arg Val Pro Pro Pro Pro Gln Ser			
	465	470	475
gtg tcc atg gct gag cag ctc cga ggg gag ccc tgg ttc cat ggg aag			1670
Val Ser Met Ala Glu Gln Leu Arg Gly Glu Pro Trp Phe His Gly Lys			
	480	485	490
ctg agc cgg cgg gag gct gag gca ctg ctg cag ctc aat ggg gac ttc			1718
Leu Ser Arg Arg Glu Ala Glu Ala Leu Leu Gln Leu Asn Gly Asp Phe			
	495	500	505
ttg gta cgg gag agc acg acc aca cct ggc cag tat gtg ctc act ggc			1766

Leu Val Arg Glu Ser Thr Thr Thr Pro Gly Gln Tyr Val Leu Thr Gly
 510 515 520
 ttg cag agt ggg cag cct aag cat ttg cta ctg gtg gac cct gag ggt 1814
 Leu Gln Ser Gly Gln Pro Lys His Leu Leu Leu Val Asp Pro Glu Gly
 525 530 535 540
 gtg gtt cgg act aag gat cac cgc ttt gaa agt gtc agt cac ctt atc 1862
 Val Val Arg Thr Lys Asp His Arg Phe Glu Ser Val Ser His Leu Ile
 545 550 555
 agc tac cac atg gac aat cac ttg ccc atc atc tct gcg ggc agc gaa 1910
 Ser Tyr His Met Asp Asn His Leu Pro Ile Ile Ser Ala Gly Ser Glu
 560 565 570
 ctg tgt cta cag caa cct gtg gag cgg aaa ctg tgatctgcc tagcgtctc 1963
 Leu Cys Leu Gln Gln Pro Val Glu Arg Lys Leu
 575 580
 ttccagaaga tgccctccaa tcctttccac cctattccct aactctcggg acctcgtttg 2023
 ggagtgttct gtgggcttgg ccttgtgtca gagctgggag tagcatggac tctgggtttc 2083
 atatccagct gagtgagagg gtttgagtca aaagcctggg tgagaatcct gcctctcccc 2143
 aaacattaat caccaaagta ttaatgtaca gagtggcccc tcacctgggc ctttctgtg 2203
 ccaacctgat gccccttccc caagaagggtg agtgcttgtc atggaaaatg tcctgtgggtg 2263
 acaggcccag tggaacagtc acccttctgg gcaaggggga acaaatcaca cctctgggct 2323
 tcagggtatc ccagaccct ctcaacaccc gccccccca tgtttaaact ttgtgccttt 2383
 gaccatctct taggtctaata gatattttat gcaaacagtt cttggacccc tgaattcttc 2443
 aatgacaggg atgccaacac cttcttggct tctgggacct gtgttcttgc tgagcacct 2503
 ctccggtttg ggttgggata acagaggcag gagtggcagc tgtcccctct ccctggggat 2563
 atgcaacct tagagattgc ccagagccc cactcccggc caggcgggag atggaccct 2623
 cccttgctca gtgcctcctg gccggggccc ctaccccaa ggggtctgta tatacatttc 2683
 ataaggcctg ccctcccatg ttgcatgcct atgtactctg cgccaaagt cagcccttcc 2743
 tcctgaagcc tctgcccigc ctccctttct gggagggcgg ggtgggggtg actgaatttg 2803
 ggcctcttgt acagttaact ctcccagggtg gattttgtgg aggtgagaaa aggggcattg 2863

agactataaa gcagtagaca atccccacat accatctgta gagttggaac tgcattcttt 2923
 taaagtttta tatgcatata ttttagggct gctagactta ctttcctatt ttcttttcca 2983
 ttgcttattc ttgagcacia aatgataatc aattattaca ttatacatc acctttttga 3043
 cttttccaag cccttttaca gctcttggca ttttcctcgc ctaggcctgt gaggttaactg 3103
 ggatcgcacc ttttatacca gagacctgag gcagatgaaa tttatttcca tctaggacta 3163
 gaaaaacttg ggctctctac cgcgagactg agaggcagaa gtcagcccga atgcctgtca 3223
 gtttcatgga ggggaaacgc aaaacctgca gttcctgagt accttctaca ggcccggccc 3283
 agcctaggcc cgggggtggcc acaccacagc aagccggccc cccctctttt ggccttgtgg 3343
 ataagggaga gttgaccgtt ttcctcctgg cctccttttg ctgtttggat gtttccacgg 3403
 gtctcactta taccaaaggg aaaactcttc attaaagtcc gtatttcttc taaaaaaaaa 3463
 aaaaaaaaaa tacatttata catcaccttt ttgacttttc caagcccttt tacagctctt 3523
 ggcattttcc tcgcctaggc ctgtgaggta actgggatcg caccttttat accagagacc 3583
 tgaggcagat gaaatttatt tccatctagg actagaaaaa cttgggtctc ttaccgag 3643
 actgagaggc agaagtcagc c 3664

【 0 3 8 9 】

<210> 64

<211> 583

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 64

Met Asp Leu Leu Pro Pro Lys Pro Lys Tyr Asn Pro Leu Arg Asn Glu
 1 5 10 15
 Ser Leu Ser Ser Leu Glu Glu Gly Ala Ser Gly Ser Thr Pro Pro Glu
 20 25 30
 Glu Leu Pro Ser Pro Ser Ala Ser Ser Leu Gly Pro Ile Leu Pro Pro
 35 40 45
 Leu Pro Gly Asp Asp Ser Pro Thr Thr Leu Cys Ser Phe Phe Pro Arg
 50 55 60
 Met Ser Asn Leu Arg Leu Ala Asn Pro Ala Gly Gly Arg Pro Gly Ser

65	70	75	80
Lys Gly Glu Pro Gly Arg Ala Ala Asp Asp Gly Glu Gly Ile Asp Gly			
85	90	95	
Ala Ala Met Pro Glu Ser Gly Pro Leu Pro Leu Leu Gln Asp Met Asn			
100	105	110	
Lys Leu Ser Gly Gly Gly Gly Arg Arg Thr Arg Val Glu Gly Gly Gln			
115	120	125	
Leu Gly Gly Glu Glu Trp Thr Arg His Gly Ser Phe Val Asn Lys Pro			
130	135	140	
Thr Arg Gly Trp Leu His Pro Asn Asp Lys Val Met Gly Pro Gly Val			
145	150	155	160
Ser Tyr Leu Val Arg Tyr Met Gly Cys Val Glu Val Leu Gln Ser Met			
165	170	175	
Arg Ala Leu Asp Phe Asn Thr Arg Thr Gln Val Thr Arg Glu Ala Ile			
180	185	190	
Ser Leu Val Cys Glu Ala Val Pro Gly Ala Lys Gly Ala Thr Arg Arg			
195	200	205	
Arg Lys Pro Cys Ser Arg Pro Leu Ser Ser Ile Leu Gly Arg Ser Asn			
210	215	220	
Leu Lys Phe Ala Gly Met Pro Ile Thr Leu Thr Val Ser Thr Ser Ser			
225	230	235	240
Leu Asn Leu Met Ala Ala Asp Cys Lys Gln Ile Ile Ala Asn His His			
245	250	255	
Met Gln Ser Ile Ser Phe Ala Ser Gly Gly Asp Pro Asp Thr Ala Glu			
260	265	270	
Tyr Val Ala Tyr Val Ala Lys Asp Pro Val Asn Gln Arg Ala Cys His			
275	280	285	
Ile Leu Glu Cys Pro Glu Gly Leu Ala Gln Asp Val Ile Ser Thr Ile			
290	295	300	

Gly Gln Ala Phe Glu Leu Arg Phe Lys Gln Tyr Leu Arg Asn Pro Pro
 305 310 315 320
 Lys Leu Val Thr Pro His Asp Arg Met Ala Gly Phe Asp Gly Ser Ala
 325 330 335
 Trp Asp Glu Glu Glu Glu Glu Pro Pro Asp His Gln Tyr Tyr Asn Asp
 340 345 350
 Phe Pro Gly Lys Glu Pro Pro Leu Gly Gly Val Val Asp Met Arg Leu
 355 360 365
 Arg Glu Gly Ala Ala Pro Gly Ala Ala Arg Pro Thr Ala Pro Asn Ala
 370 375 380
 Gln Thr Pro Ser His Leu Gly Ala Thr Leu Pro Val Gly Gln Pro Val
 385 390 395 400
 Gly Gly Asp Pro Glu Val Arg Lys Gln Met Pro Pro Pro Pro Pro Cys
 405 410 415
 Pro Gly Arg Glu Leu Phe Asp Asp Pro Ser Tyr Val Asn Val Gln Asn
 420 425 430
 Leu Asp Lys Ala Arg Gln Ala Val Gly Gly Ala Gly Pro Pro Asn Pro
 435 440 445
 Ala Ile Asn Gly Ser Ala Pro Arg Asp Leu Phe Asp Met Lys Pro Phe
 450 455 460
 Glu Asp Ala Leu Arg Val Pro Pro Pro Pro Gln Ser Val Ser Met Ala
 465 470 475 480
 Glu Gln Leu Arg Gly Glu Pro Trp Phe His Gly Lys Leu Ser Arg Arg
 485 490 495
 Glu Ala Glu Ala Leu Leu Gln Leu Asn Gly Asp Phe Leu Val Arg Glu
 500 505 510
 Ser Thr Thr Thr Pro Gly Gln Tyr Val Leu Thr Gly Leu Gln Ser Gly
 515 520 525
 Gln Pro Lys His Leu Leu Leu Val Asp Pro Glu Gly Val Val Arg Thr

580
【 0 3 9 0 】

actgcgactic gagacagcgg cccggcagga cagctccaga atg aaa atg cgg ttc	55	
Met Lys Met Arg Phe		
1	5	
ttg ggg ttg gtg gtc tgt ttg gtt ctg tgg ccc ctg cat tct gag ggg	103	
Leu Gly Leu Val Val Cys Leu Val Leu Trp Pro Leu His Ser Glu Gly		
10	15	20
tct gga ggg aaa ctg aca gct gtg gat cct gaa aca aac atgaatgtg	151	
Ser Gly Gly Lys Leu Thr Ala Val Asp Pro Glu Thr Asn Met Asn Val		
25	30	35
agt gaa att atc tct tac tgg gga ttc cct agt gag gaa tac cta gtt	199	
Ser Glu Ile Ile Ser Tyr Trp Gly Phe Pro Ser Glu Glu Tyr Leu Val		
40	45	50
gagaca gaa gat gga tatattctg tgc ctt aac cgaattcctcatggg	247	

出証特 2000-3089932

gcc aaa tta gga cga tta cca gat cat ctc att aag gac tta ttt gga	727
Ala Lys Leu Gly Arg Leu Pro Asp His Leu Ile Lys Asp Leu Phe Gly	
215 220 225	
gac aaa gaa ttt ctt ccc cag agt gcg ttt ttg aag tgg ctg ggt acc	775
Asp Lys Glu Phe Leu Pro Gln Ser Ala Phe Leu Lys Trp Leu Gly Thr	
230 235 240 245	
cac gtt tgc act cat gtc ata ctg aag gag ctc tgt gga aat ctc tgt	823
His Val Cys Thr His Val Ile Leu Lys Glu Leu Cys Gly Asn Leu Cys	
250 255 260	
ttt ctt ctg tgt gga ttt aat gag aga aat tta aat atg tct aga gtg	871
Phe Leu Leu Cys Gly Phe Asn Glu Arg Asn Leu Asn Met Ser Arg Val	
265 270 275	
gat gta tat aca aca cat tct cct gct gga act tct gtg caa aac atg	919
Asp Val Tyr Thr Thr His Ser Pro Ala Gly Thr Ser Val Gln Asn Met	
280 285 290	
tta cac tgg agc cag gct gtt aaa ttc caa aag ttt caa gcc ttt gac	967
Leu His Trp Ser Gln Ala Val Lys Phe Gln Lys Phe Gln Ala Phe Asp	
295 300 305	
tgg gga agc agt gcc aag aat tat ttt cat tac aac cag agt tat cct	1015
Trp Gly Ser Ser Ala Lys Asn Tyr Phe His Tyr Asn Gln Ser Tyr Pro	
310 315 320 325	
ccc aca tac aat gtg aag gac atg ctt gtg ccg act gca gtc tgg agc	1063
Pro Thr Tyr Asn Val Lys Asp Met Leu Val Pro Thr Ala Val Trp Ser	
330 335 340	
ggg ggt cac gac tgg ctt gca gat gtc tac gac gtc aat atc tta ctg	1111
Gly Gly His Asp Trp Leu Ala Asp Val Tyr Asp Val Asn Ile Leu Leu	
345 350 355	
act cag atc acc aac ttg gtg ttc cat gag agc att ccg gaa tgg gag	1159
Thr Gln Ile Thr Asn Leu Val Phe His Glu Ser Ile Pro Glu Trp Glu	

360	365	370	
cat ctt gac ttc att tgg ggc ctg gat gcc cct tgg agg ctt tat aat			1207
His Leu Asp Phe Ile Trp Gly Leu Asp Ala Pro Trp Arg Leu Tyr Asn			
375	380	385	
aaa att att aat cta atg agg aaa tat cag tgaaagctgg acttgagctg			1257
Lys Ile Ile Asn Leu Met Arg Lys Tyr Gln			
390	395		
tgtaccacca agtcaatgat tatgtcatgt gaaaatgtgt ttgcttcatt tctgtaaaac			1317
acttgttttt ctttcccagg tcttttgttt ttttatatcc aagaaaatga taactttgaa			1377
gatgccagtg tcactctagt ttcaattaga aacatactag ctattttttc tttaattagg			1437
gctggaatag gaagccagtg tctcaacat agtattgtct ctttaagtct tttaaataac			1497
actgatgtgt aaaaagggtca ttatatccat tctgttttta aaatttaaaa tatattgact			1557
ttttgccctt cataggacaa agtaatatat gtgttggaa tttaaaattg tgttgtcatt			1617
ggtaaactctg tcactgactt aagcgaggta taaaagtacg cagttttcat gtccttgcc			1677
taaagagctc tctagtctaa cggtcttgta gttagagatc taaatgacat tttatcatgt			1737
tttctgcag cagggtgcata gtcaaatcca gaaatatcac agctgtgcc gtaataagga			1797
tgctaacaat taattttatc aaacctaact gtgacagctg tgatttgaca cgttttaatt			1857
gctcaggtta aatgaaatag ttttccggcg tcttcaaaaa caaattgcac tgataaaaca			1917
aaaacaaaag tatgttttaa atgctttgaa gactgataca ctcaaccatc tatattcatg			1977
agctctcaat ttcatggcag gccatagttc tacttatctg agaagcaaat ccctgtggag			2037
actataccac tattttttct gagattaatg tactcttgga gcccgctact gtcgttattg			2097
atcacatctg tgtgaagcca aagccccgtg gttgcccatg agaagtgtcc ttgttcattt			2157
tcacccaaat gaagtgtgaa cgtgatgttt tcggatgcaa actcagctca gggattcatt			2217
ttgtgtctta gttttatatg catccttatt ttttaatacac ctgcttcacg tccctatgtt			2277
gggaagtcca tatttgtctg cttttcttgc agcatcattt cttacaata ctgtccggtg			2337
gacaaaatga caatgatat gtttttctga tataattact ttagctgcac taacagtaca			2397
atgcttgtta atggttaata taggcagggc gaatactact ttgtaacttt taaagtctta			2457
aacttttcaa taaaattgag tgagacttat aggcc			2493

【 0 3 9 1 】

<210> 66

<211> 399

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 66

Met	Lys	Met	Arg	Phe	Leu	Gly	Leu	Val	Val	Cys	Leu	Val	Leu	Trp	Pro
1				5					10					15	
Leu	His	Ser	Glu	Gly	Ser	Gly	Gly	Lys	Leu	Thr	Ala	Val	Asp	Pro	Glu
			20					25					30		
Thr	Asn	Met	Asn	Val	Ser	Glu	Ile	Ile	Ser	Tyr	Trp	Gly	Phe	Pro	Ser
		35					40					45			
Glu	Glu	Tyr	Leu	Val	Glu	Thr	Glu	Asp	Gly	Tyr	Ile	Leu	Cys	Leu	Asn
	50				55				60						
Arg	Ile	Pro	His	Gly	Arg	Lys	Asn	His	Ser	Asp	Lys	Gly	Pro	Lys	Pro
65				70					75					80	
Val	Val	Phe	Leu	Gln	His	Gly	Leu	Leu	Ala	Asp	Ser	Ser	Asn	Trp	Val
			85					90					95		
Thr	Asn	Leu	Ala	Asn	Ser	Ser	Leu	Gly	Phe	Ile	Leu	Ala	Asp	Ala	Gly
		100						105					110		
Phe	Asp	Val	Trp	Met	Gly	Asn	Ser	Arg	Gly	Asn	Thr	Trp	Ser	Arg	Lys
		115					120					125			
His	Lys	Thr	Leu	Ser	Val	Ser	Gln	Asp	Glu	Phe	Trp	Ala	Phe	Ser	Tyr
	130					135					140				
Asp	Glu	Met	Ala	Lys	Tyr	Asp	Leu	Pro	Ala	Ser	Ile	Asn	Phe	Ile	Leu
145				150					155				160		
Asn	Lys	Thr	Gly	Gln	Glu	Gln	Val	Tyr	Tyr	Val	Gly	His	Ser	Gln	Gly
			165					170				175			
Thr	Thr	Ile	Gly	Phe	Ile	Ala	Phe	Ser	Gln	Ile	Pro	Glu	Leu	Ala	Lys
			180					185				190			

Arg Ile Lys Met Phe Phe Ala Leu Gly Pro Val Ala Ser Val Ala Phe
 195 200 205

Cys Thr Ser Pro Met Ala Lys Leu Gly Arg Leu Pro Asp His Leu Ile
 210 215 220

Lys Asp Leu Phe Gly Asp Lys Glu Phe Leu Pro Gln Ser Ala Phe Leu
 225 230 235 240

Lys Trp Leu Gly Thr His Val Cys Thr His Val Ile Leu Lys Glu Leu
 245 250 255

Cys Gly Asn Leu Cys Phe Leu Leu Cys Gly Phe Asn Glu Arg Asn Leu
 260 265 270

Asn Met Ser Arg Val Asp Val Tyr Thr Thr His Ser Pro Ala Gly Thr
 275 280 285

Ser Val Gln Asn Met Leu His Trp Ser Gln Ala Val Lys Phe Gln Lys
 290 295 300

Phe Gln Ala Phe Asp Trp Gly Ser Ser Ala Lys Asn Tyr Phe His Tyr
 305 310 315 320

Asn Gln Ser Tyr Pro Pro Thr Tyr Asn Val Lys Asp Met Leu Val Pro
 325 330 335

Thr Ala Val Trp Ser Gly Gly His Asp Trp Leu Ala Asp Val Tyr Asp
 340 345 350

Val Asn Ile Leu Leu Thr Gln Ile Thr Asn Leu Val Phe His Glu Ser
 355 360 365

Ile Pro Glu Trp Glu His Leu Asp Phe Ile Trp Gly Leu Asp Ala Pro
 370 375 380

Trp Arg Leu Tyr Asn Lys Ile Ile Asn Leu Met Arg Lys Tyr Gln
 385 390 395

【 0 3 9 2 】

<210> 67

<211> 1633

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (323)..(1177)

<400> 67

aacttaatgt ttttgcatig gactttgagt taagattatt ttttaaattcc tgaggactag 60
cattaattga cagctgaccc aggtgctaca cagaagtgga ttcagtgaat ctaggaagac 120
agcagcagac aggattccag gaaccagtgt ttgatgaagc taggactgag gagcaagcga 180
gcaagcagca gttcgtggaa tcctgtctgc tgctgtcttc ctggtttagg agccgacggg 240
cgctcgcagg ctcagcgcgc gctgcccgcg gcaggacccg gccgcctccg ccgccgccgc 300
cgccccctaag cctcccgaag cc atg gcc ggg ctc ggc cac ccc gcc gcc ttc 352

Met Ala Gly Leu Gly His Pro Ala Ala Phe

1 5 10

ggc cgg gcc acc cac gcc gtg gtg cgg gcg cta ccc gag tcg ctc ggc 400
Gly Arg Ala Thr His Ala Val Val Arg Ala Leu Pro Glu Ser Leu Gly

15 20 25

cag cac gcg ctg aga agc gcc aag ggc gag gag gtg gac gtc gcc cgc 448
Gln His Ala Leu Arg Ser Ala Lys Gly Glu Glu Val Asp Val Ala Arg

30 35 40

gcg gaa cgg cag cac cag ctc tac gtg ggc gtg ctg ggc agc aag ctg 496
Ala Glu Arg Gln His Gln Leu Tyr Val Gly Val Leu Gly Ser Lys Leu

45 50 55

ggg ctg cag gtg gtg gag ctg ccg gcc gac gag agc ctt ccg gac tgc 544
Gly Leu Gln Val Val Glu Leu Pro Ala Asp Glu Ser Leu Pro Asp Cys

60 65 70

gtc ttc gtg gag gac gtg gcc gtg gtg tgc gag gag acg gcc ctc atc 592
Val Phe Val Glu Asp Val Ala Val Val Cys Glu Glu Thr Ala Leu Ile

75 80 85 90

acc cga ccc ggg gcg ccg agc cgg agg aag gag gtt gac atg atg aaa	640
Thr Arg Pro Gly Ala Pro Ser Arg Arg Lys Glu Val Asp Met Met Lys	
95 100 105	
gaa gca tta gaa aaa ctt cag ctc aat ata gta gag atg aaa gat gaa	688
Glu Ala Leu Glu Lys Leu Gln Leu Asn Ile Val Glu Met Lys Asp Glu	
110 115 120	
aat gca act tta gat ggc gga gat gtt tta ttc aca ggc aga gaa ttt	736
Asn Ala Thr Leu Asp Gly Gly Asp Val Leu Phe Thr Gly Arg Glu Phe	
125 130 135	
ttt gtg ggc ctt tcc aaa agg aca aat caa cga ggt gct gaa atc ttg	784
Phe Val Gly Leu Ser Lys Arg Thr Asn Gln Arg Gly Ala Glu Ile Leu	
140 145 150	
gct gat act ttt aag gac tat gca gtc tcc aca gtg cca gtg gca gat	832
Ala Asp Thr Phe Lys Asp Tyr Ala Val Ser Thr Val Pro Val Ala Asp	
155 160 165 170	
ggg ttg cat ttg aag agt ttc tgc agc atg gct ggg cct aac ctg atc	880
Gly Leu His Leu Lys Ser Phe Cys Ser Met Ala Gly Pro Asn Leu Ile	
175 180 185	
gca att ggg tct agt gaa tct gca cag aag gcc ctt aag atc atg caa	928
Ala Ile Gly Ser Ser Glu Ser Ala Gln Lys Ala Leu Lys Ile Met Gln	
190 195 200	
cag atg agt gac cac cgc tac gac aaa ctc act gtg cct gat gac ata	976
Gln Met Ser Asp His Arg Tyr Asp Lys Leu Thr Val Pro Asp Asp Ile	
205 210 215	
gca gca aac tgt ata tat cta aat atc ccc aac aaa ggg cac gtc ttg	1024
Ala Ala Asn Cys Ile Tyr Leu Asn Ile Pro Asn Lys Gly His Val Leu	
220 225 230	
ctg cac cga acc ccg gaa gag tat cca gaa agt gca aag gtt tat gag	1072
Leu His Arg Thr Pro Glu Glu Tyr Pro Glu Ser Ala Lys Val Tyr Glu	

235 240 245 250
aaa ctg aag gac cat atg ctg atc ccc gtg agc atg tct gaa ctg gaa 1120
Lys Leu Lys Asp His Met Leu Ile Pro Val Ser Met Ser Glu Leu Glu
 255 260 265
aag gtf gat ggg ctg ctc acc tgc tgc tca gtt tta att aac aag aaa 1168
Lys Val Asp Gly Leu Leu Thr Cys Cys Ser Val Leu Ile Asn Lys Lys
 270 275 280
gta gac tcc tgagctgcag agtccccccc ggtagccggc aagaccgcac 1217
Val Asp Ser
 285
aggcaaggcc gatgactctg tgcccactcc tgttgttttc cttgacaatc tactgtgcc 1277
ctgtgctact aactcttggt tacaaaattt gattctaagt tgaattgctt cattcaacac 1337
ccccaccctc cctccccrcg aggtggtacc taagctgtgg atttgctaaa tgaattaagc 1397
aacctagaag atacagagct aatgaattat caaatgtga ttaatcccag taaggaaaca 1457
ctcatttagt gtctgtatgt ttggtgtnaa aattatitag ttgccagtat attctgaaga 1517
atgtcttctt gatcagtcag ataagcttgc tttttttttt ttttttcat gaatcatgtt 1577
tggttcctgt gaaagtcctt ggtccaggga tcctcctcct ttctctttta cttctg 1633

【 0 3 9 3 】

<210> 68

<211> 285

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 68

Met Ala Gly Leu Gly His Pro Ala Ala Phe Gly Arg Ala Thr His Ala

1 5 10 15

Val Val Arg Ala Leu Pro Glu Ser Leu Gly Gln His Ala Leu Arg Ser

20 25 30

Ala Lys Gly Glu Glu Val Asp Val Ala Arg Ala Glu Arg Gln His Gln

35 40 45

Leu Tyr Val Gly Val Leu Gly Ser Lys Leu Gly Leu Gln Val Val Glu
 50 55 60
 Leu Pro Ala Asp Glu Ser Leu Pro Asp Cys Val Phe Val Glu Asp Val
 65 70 75 80
 Ala Val Val Cys Glu Glu Thr Ala Leu Ile Thr Arg Pro Gly Ala Pro
 85 90 95
 Ser Arg Arg Lys Glu Val Asp Met Met Lys Glu Ala Leu Glu Lys Leu
 100 105 110
 Gln Leu Asn Ile Val Glu Met Lys Asp Glu Asn Ala Thr Leu Asp Gly
 115 120 125
 Gly Asp Val Leu Phe Thr Gly Arg Glu Phe Phe Val Gly Leu Ser Lys
 130 135 140
 Arg Thr Asn Gln Arg Gly Ala Glu Ile Leu Ala Asp Thr Phe Lys Asp
 145 150 155 160
 Tyr Ala Val Ser Thr Val Pro Val Ala Asp Gly Leu His Leu Lys Ser
 165 170 175
 Phe Cys Ser Met Ala Gly Pro Asn Leu Ile Ala Ile Gly Ser Ser Glu
 180 185 190
 Ser Ala Gln Lys Ala Leu Lys Ile Met Gln Gln Met Ser Asp His Arg
 195 200 205
 Tyr Asp Lys Leu Thr Val Pro Asp Asp Ile Ala Ala Asn Cys Ile Tyr
 210 215 220
 Leu Asn Ile Pro Asn Lys Gly His Val Leu Leu His Arg Thr Pro Glu
 225 230 235 240
 Glu Tyr Pro Glu Ser Ala Lys Val Tyr Glu Lys Leu Lys Asp His Met
 245 250 255
 Leu Ile Pro Val Ser Met Ser Glu Leu Glu Lys Val Asp Gly Leu Leu
 260 265 270
 Thr Cys Cys Ser Val Leu Ile Asn Lys Lys Val Asp Ser

275

280

285

【 0 3 9 4 】

<210> 69

<211> 1779

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (147)..(1421)

<400> 69

aagcgcctgt ctgaacctct gccagtcctg gagactgggtg ccctgagctc caaccagcgg 60
gcctcatcta caccctcacc accgcaactt ctcacccgag caagaagcag ctcccagaga 120
gaaagaacgt tcccacctgc ctagcc atg gga gag gac gct gca cag gcc gaa 173

Met Gly Glu Asp Ala Ala Gln Ala Glu

1

5

aag ttc cag cac cct ggg tct gac atg cgg cag gaa aag ccc tcg agc 221
Lys Phe Gln His Pro Gly Ser Asp Met Arg Gln Glu Lys Pro Ser Ser

10

15

20

25

ccc agc ccg atg cct tcc tcc aca cca agc ccc agc ctg aac cta ggg 269
Pro Ser Pro Met Pro Ser Ser Thr Pro Ser Pro Ser Leu Asn Leu Gly

30

35

40

aac aca gag gag gcc atc cgg gac aac tca cag gtg aac gca gtc acg 317
Asn Thr Glu Glu Ala Ile Arg Asp Asn Ser Gln Val Asn Ala Val Thr

45

50

55

gtg ctc acg ctc ctg gac aag ctg gtg aac atg cta gac gct gtg cag 365
Val Leu Thr Leu Leu Asp Lys Leu Val Asn Met Leu Asp Ala Val Gln

60

65

70

gag aac cag cac aag atg gag cag cga cag atc agt ttg gag ggc tcc 413
Glu Asn Gln His Lys Met Glu Gln Arg Gln Ile Ser Leu Glu Gly Ser

75	80	85	
gtg aag ggc atc cag aat gac ctc acc aag ctc tcc aag tac cag gcc	461		
Val Lys Gly Ile Gln Asn Asp Leu Thr Lys Leu Ser Lys Tyr Gln Ala			
90	95	100	105
tcc acc agc aac acg gtg agc aag ctg ctg gag aag tcc cgc aag gtc	509		
Ser Thr Ser Asn Thr Val Ser Lys Leu Leu Glu Lys Ser Arg Lys Val			
110	115	120	
agc gcc cac acg cgc gcg gtc aaa gag cgc atg gat agg cag tgc gca	557		
Ser Ala His Thr Arg Ala Val Lys Glu Arg Met Asp Arg Gln Cys Ala			
125	130	135	
cag gtg aag cgg ctg gag aac aac cac gcc cag ctc ctc cga cgc aac	605		
Gln Val Lys Arg Leu Glu Asn Asn His Ala Gln Leu Leu Arg Arg Asn			
140	145	150	
cat ttc aaa gtg ctc atc ttc cag gag gaa aat gag atc cct gcc agc	653		
His Phe Lys Val Leu Ile Phe Gln Glu Glu Asn Glu Ile Pro Ala Ser			
155	160	165	
gtg ttt gtg aaa cag ccc gtt tcc ggt gcc gtg gaa ggg aag gag gag	701		
Val Phe Val Lys Gln Pro Val Ser Gly Ala Val Glu Gly Lys Glu Glu			
170	175	180	185
ctt ccg gat gaa aac aaa tcc ctg gag gaa acc ctg cac acc gtg gac	749		
Leu Pro Asp Glu Asn Lys Ser Leu Glu Glu Thr Leu His Thr Val Asp			
190	195	200	
ctc tcc tca gat gat gat ttg ccc cac gat gag gag gcc ctg gaa gac	797		
Leu Ser Ser Asp Asp Asp Leu Pro His Asp Glu Glu Ala Leu Glu Asp			
205	210	215	
agt gcc gag gaa aag gtg gaa gaa agt agg gca gag aaa ata aaa aga	845		
Ser Ala Glu Glu Lys Val Glu Glu Ser Arg Ala Glu Lys Ile Lys Arg			
220	225	230	
tcc agc ctg aag aaa gtg gat agc ctc aag aaa gca ttt tct cgc cag	893		

Ser Ser Leu Lys Lys Val Asp Ser Leu Lys Lys Ala Phe Ser Arg Gln	
235	240
aac atc gag aaa aag atg aac aag ctg ggg aca aag atc gta tct gta	941
Asn Ile Glu Lys Lys Met Asn Lys Leu Gly Thr Lys Ile Val Ser Val	
250	255
gag agg aga gag aag att aag aaa tct ctc acg tca aat cac cag aaa	989
Glu Arg Arg Glu Lys Ile Lys Lys Ser Leu Thr Ser Asn His Gln Lys	
270	275
ata tcc tca gga aaa agc tcc ccc ttc aag gtt tct ccc ctc act ttc	1037
Ile Ser Ser Gly Lys Ser Ser Pro Phe Lys Val Ser Pro Leu Thr Phe	
285	290
ggg cgg aag aaa gtc cga gag gga gaa agc cat gca gaa aat gag acc	1085
Gly Arg Lys Lys Val Arg Glu Gly Glu Ser His Ala Glu Asn Glu Thr	
300	305
aag tca gaa gac ctg cct agc agt gag cag atg cca aat gac cag gaa	1133
Lys Ser Glu Asp Leu Pro Ser Ser Glu Gln Met Pro Asn Asp Gln Glu	
315	320
gag gag tcc ttt gca gag ggt cat tcc gaa gcg tcc ctc gcc agc gct	1181
Glu Glu Ser Phe Ala Glu Gly His Ser Glu Ala Ser Leu Ala Ser Ala	
330	335
ctg gtg gaa ggg gaa att gca gag gag gct gct gag aag gcg acc tcc	1229
Leu Val Glu Gly Glu Ile Ala Glu Glu Ala Ala Glu Lys Ala Thr Ser	
350	355
agg ggg agt aac tcg ggg atg gac agc aac atc gac ttg act att gtg	1277
Arg Gly Ser Asn Ser Gly Met Asp Ser Asn Ile Asp Leu Thr Ile Val	
365	370
gaa gat gaa gag gag gag tca gtg gcc ctg gaa cag gca cag aag gta	1325
Glu Asp Glu Glu Glu Glu Ser Val Ala Leu Glu Gln Ala Gln Lys Val	
380	385
	390

cgc tat gag ggt agc tac gcg cta aca tcc gag gag gcg gag cgc tcc 1373
 Arg Tyr Glu Gly Ser Tyr Ala Leu Thr Ser Glu Glu Ala Glu Arg Ser
 395 400 405
 gat ggg gac ccc gtg cag ccc gcc gtg ctc cag gtg cac cag acc tcc 1421
 Asp Gly Asp Pro Val Gln Pro Ala Val Leu Gln Val His Gln Thr Ser
 410 415 420 425
 tgagcttaga gccaccgtgc catcctgtgc tgtgctcaag cgggcagcca gggctgaaga 1481
 acaaactctt gcacatctcc agcacgactc acccactcct gcgttcctgt ccaggcagta 1541
 atcattgacc atatagtcac agtaagacac acgagaccag gctttaccat gaaagcgacc 1601
 tgtcacggac tccactttta atttgctctt aggttctatc tctgtagaat gtctccaaga 1661
 ttgaagaaga aactgagcag ttgaaaaatg ctaatctctt tgacttagtc agaaaaaac 1721
 agaggataat taagatacta gtcataaaaa gtgattcatt cttttttgtc attccatc 1779

【0 3 9 5】

<210> 70

<211> 425

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 70

Met Gly Glu Asp Ala Ala Gln Ala Glu Lys Phe Gln His Pro Gly Ser
 1 5 10 15
 Asp Met Arg Gln Glu Lys Pro Ser Ser Pro Ser Pro Met Pro Ser Ser
 20 25 30
 Thr Pro Ser Pro Ser Leu Asn Leu Gly Asn Thr Glu Glu Ala Ile Arg
 35 40 45
 Asp Asn Ser Gln Val Asn Ala Val Thr Val Leu Thr Leu Leu Asp Lys
 50 55 60
 Leu Val Asn Met Leu Asp Ala Val Gln Glu Asn Gln His Lys Met Glu
 65 70 75 80
 Gln Arg Gln Ile Ser Leu Glu Gly Ser Val Lys Gly Ile Gln Asn Asp

	85		90		95
Leu Thr Lys Leu Ser Lys Tyr Gln Ala Ser Thr Ser Asn Thr Val Ser					
	100		105		110
Lys Leu Leu Glu Lys Ser Arg Lys Val Ser Ala His Thr Arg Ala Val					
	115		120		125
Lys Glu Arg Met Asp Arg Gln Cys Ala Gln Val Lys Arg Leu Glu Asn					
	130		135		140
Asn His Ala Gln Leu Leu Arg Arg Asn His Phe Lys Val Leu Ile Phe					
145		150		155	160
Gln Glu Glu Asn Glu Ile Pro Ala Ser Val Phe Val Lys Gln Pro Val					
	165		170		175
Ser Gly Ala Val Glu Gly Lys Glu Glu Leu Pro Asp Glu Asn Lys Ser					
	180		185		190
Leu Glu Glu Thr Leu His Thr Val Asp Leu Ser Ser Asp Asp Asp Leu					
	195		200		205
Pro His Asp Glu Glu Ala Leu Glu Asp Ser Ala Glu Glu Lys Val Glu					
	210		215		220
Glu Ser Arg Ala Glu Lys Ile Lys Arg Ser Ser Leu Lys Lys Val Asp					
225		230		235	240
Ser Leu Lys Lys Ala Phe Ser Arg Gln Asn Ile Glu Lys Lys Met Asn					
	245		250		255
Lys Leu Gly Thr Lys Ile Val Ser Val Glu Arg Arg Glu Lys Ile Lys					
	260		265		270
Lys Ser Leu Thr Ser Asn His Gln Lys Ile Ser Ser Gly Lys Ser Ser					
	275		280		285
Pro Phe Lys Val Ser Pro Leu Thr Phe Gly Arg Lys Lys Val Arg Glu					
	290		295		300
Gly Glu Ser His Ala Glu Asn Glu Thr Lys Ser Glu Asp Leu Pr Ser					
305		310		315	320

Ser Glu Gln Met Pro Asn Asp Gln Glu Glu Glu Ser Phe Ala Glu Gly
 325 330 335
 His Ser Glu Ala Ser Leu Ala Ser Ala Leu Val Glu Gly Glu Ile Ala
 340 345 350
 Glu Glu Ala Ala Glu Lys Ala Thr Ser Arg Gly Ser Asn Ser Gly Met
 355 360 365
 Asp Ser Asn Ile Asp Leu Thr Ile Val Glu Asp Glu Glu Glu Glu Ser
 370 375 380
 Val Ala Leu Glu Gln Ala Gln Lys Val Arg Tyr Glu Gly Ser Tyr Ala
 385 390 395 400
 Leu Thr Ser Glu Glu Ala Glu Arg Ser Asp Gly Asp Pro Val Gln Pro
 405 410 415
 Ala Val Leu Gln Val His Gln Thr Ser
 420 425

【 0 3 9 6 】

<210> 71

<211> 2638

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (288)..(1844)

<400> 71

gaggaaaggg gaaatgcggc ccgctcccca ctcagtgcc ctcgtgcc ctcctgcc 60
 ggccctgagg gcacccggtt gctgttcct tccgtcttc cccaaggact atcagagatg 120
 ccagcgtgac ccctgacacg tgtgtgcagc agcctgcagc tgccccaagc catggctgaa 180
 cactgactcc cagctgtggg cttcaccatt acagactccc cagggttca aagacttctc 240
 agcttcgagc atggcttttg gctgtcaggg cagctgtaca atagtgg atg ttt gag 296

Met Phe Glu

1

acg gag gca gat gag aag agg gag atg gcc ttg gag gaa ggg aag ggg 344
 Thr Glu Ala Asp Glu Lys Arg Glu Met Ala Leu Glu Glu Gly Lys Gly
 5 10 15
 cct ggt gcc gag gat tcc cca ccc agc aag gag ccc tct cct ggc cag 392
 Pro Gly Ala Glu Asp Ser Pro Pro Ser Lys Glu Pro Ser Pro Gly Gln
 20 25 30 35
 gag ctt cct cca gga caa gac ctt cca ccc aac aag gac tcc cct tct 440
 Glu Leu Pro Pro Gly Gln Asp Leu Pro Pro Asn Lys Asp Ser Pro Ser
 40 45 50
 ggg cag gaa ccc gct ccc agc caa gaa cca ctg tcc agc aaa gac tca 488
 Gly Gln Glu Pro Ala Pro Ser Gln Glu Pro Leu Ser Ser Lys Asp Ser
 55 60 65
 gct acc tct gaa gga tcc cct cca ggc cca gat gct ccg ccc agc aag 536
 Ala Thr Ser Glu Gly Ser Pro Pro Gly Pro Asp Ala Pro Pro Ser Lys
 70 75 80
 gat gtg cca cca tgc cag gaa ccc cct cca gcc caa gac ctc tca ccc 584
 Asp Val Pro Pro Cys Gln Glu Pro Pro Pro Ala Gln Asp Leu Ser Pro
 85 90 95
 tgc cag gac cta cct gct ggt caa gaa ccc ctg cct cac cag gac cct 632
 Cys Gln Asp Leu Pro Ala Gly Gln Glu Pro Leu Pro His Gln Asp Pro
 100 105 110 115
 cta ctc acc aaa gac ctc cct gcc atc cag gaa tcc ccc acc cgg gac 680
 Leu Leu Thr Lys Asp Leu Pro Ala Ile Gln Glu Ser Pro Thr Arg Asp
 120 125 130
 ctt cca ccc tgt caa gat ctg cct cct agc cag gtc tcc ctg cca gcc 728
 Leu Pro Pro Cys Gln Asp Leu Pro Pro Ser Gln Val Ser Leu Pro Ala
 135 140 145
 aag gcc ctt act gag gac acc atg agc tcc ggg gac cta cta gca gct 776

Lys	Ala	Leu	Thr	Glu	Asp	Thr	Met	Ser	Ser	Gly	Asp	Leu	Leu	Ala	Ala		
150							155					160					
act	ggg	gac	cca	cct	gcg	gcc	ccc	agg	cca	gcc	ttc	gtg	atc	cct	gag	824	
Thr	Gly	Asp	Pro	Pro	Ala	Ala	Pro	Arg	Pro	Ala	Phe	Val	Ile	Pro	Glu		
165							170					175					
gtc	cgg	ctg	gat	agc	acc	tac	agc	cag	aag	gca	ggg	gca	gag	cag	ggc	872	
Val	Arg	Leu	Asp	Ser	Thr	Tyr	Ser	Gln	Lys	Ala	Gly	Ala	Glu	Gln	Gly		
180							185					190			195		
tgc	tcg	gga	gat	gag	gag	gat	gca	gaa	gag	gcc	gag	gag	gtg	gag	gag	920	
Cys	Ser	Gly	Asp	Glu	Glu	Asp	Ala	Glu	Glu	Ala	Glu	Glu	Val	Glu	Glu		
							200					205			210		
ggg	gag	gaa	ggg	gag	gag	gac	gag	gat	gag	gac	acc	agc	gat	gac	aac	968	
Gly	Glu	Glu	Gly	Glu	Glu	Asp	Glu	Asp	Glu	Asp	Thr	Ser	Asp	Asp	Asn		
							215					220			225		
tac	gga	gag	cgc	agt	gag	gcc	aag	cgc	agc	agc	atg	atc	gag	acg	ggc	1016	
Tyr	Gly	Glu	Arg	Ser	Glu	Ala	Lys	Arg	Ser	Ser	Met	Ile	Glu	Thr	Gly		
							230					235			240		
cag	ggg	gct	gag	ggt	ggc	ctc	tca	ctg	cgt	gtg	cag	aac	tcg	ctg	cgg	1064	
Gln	Gly	Ala	Glu	Gly	Gly	Leu	Ser	Leu	Arg	Val	Gln	Asn	Ser	Leu	Arg		
							245					250			255		
cgc	cgg	acg	cac	agc	gag	ggc	agc	ctg	ctg	cag	gag	ccc	cga	ggg	ccc	1112	
Arg	Arg	Thr	His	Ser	Glu	Gly	Ser	Leu	Leu	Gln	Glu	Pro	Arg	Gly	Pro		
260							265					270			275		
tgc	ttt	gcc	tcc	gac	acc	acc	ttg	cac	tgc	tca	gac	ggt	gag	ggc	gcc	1160	
Cys	Phe	Ala	Ser	Asp	Thr	Thr	Leu	His	Cys	Ser	Asp	Gly	Glu	Gly	Ala		
							280					285			290		
gcc	tcc	acc	tgg	ggc	atg	cct	tcg	ccc	agc	acc	ctc	aag	aaa	gag	ctg	1208	
Ala	Ser	Thr	Trp	Gly	Met	Pro	Ser	Pro	Ser	Thr	Leu	Lys	Lys	Glu	Leu		
							295					300			305		

ggc cgc aat ggt ggc tcc atg cac cac ctt tcc ctc ttc ttc aca gga	1256
Gly Arg Asn Gly Gly Ser Met His His Leu Ser Leu Phe Phe Thr Gly	
310 315 320	
cac agg aag atg agc ggg gct gac acc gtt ggg gat gat gac gaa gcc	1304
His Arg Lys Met Ser Gly Ala Asp Thr Val Gly Asp Asp Asp Glu Ala	
325 330 335	
tcc cgg aag aga aag agc aaa aac cta gcc aag gac atg aag aac aag	1352
Ser Arg Lys Arg Lys Ser Lys Asn Leu Ala Lys Asp Met Lys Asn Lys	
340 345 350 355	
ctg ggg atc ttc aga cgg cgg aat gag tcc cct gga gcc cct ccc gcg	1400
Leu Gly Ile Phe Arg Arg Arg Asn Glu Ser Pro Gly Ala Pro Pro Ala	
360 365 370	
ggc aag gca gac aaa atg atg aag tca ttc aag ccc acc tca gag gaa	1448
Gly Lys Ala Asp Lys Met Met Lys Ser Phe Lys Pro Thr Ser Glu Glu	
375 380 385	
gcc ctc aag tgg ggc gag tcc ttg gag aag ctg ctg gtt cac aaa tac	1496
Ala Leu Lys Trp Gly Glu Ser Leu Glu Lys Leu Leu Val His Lys Tyr	
390 395 400	
ggg tta gca gtg ttc caa gcc ttc ctt cgc act gag ttc agt gag gag	1544
Gly Leu Ala Val Phe Gln Ala Phe Leu Arg Thr Glu Phe Ser Glu Glu	
405 410 415	
aat ctg gag ttc tgg ttg gct tgt gag gac ttc aag aag gtc aag tca	1592
Asn Leu Glu Phe Trp Leu Ala Cys Glu Asp Phe Lys Lys Val Lys Ser	
420 425 430 435	
cag tcc aag atg gca tcc aag gcc aag aag atc ttt gct gaa tac atc	1640
Gln Ser Lys Met Ala Ser Lys Ala Lys Lys Ile Phe Ala Glu Tyr Ile	
440 445 450	
gcg atc cag gca tgc aag gag gtc aac ctg gac tcc tac acg cgg gag	1688
Ala Ile Gln Ala Cys Lys Glu Val Asn Leu Asp Ser Tyr Thr Arg Glu	

455	460	465	
cac acc aag gac aac ctg cag agc gtc acg cgg ggc tgc ttc gac ctg			1736
His Thr Lys Asp Asn Leu Gln Ser Val Thr Arg Gly Cys Phe Asp Leu			
470	475	480	
gca cag aag cgc atc ttc ggg ctc atg gaa aag gac tgc tac cct cgc			1784
Ala Gln Lys Arg Ile Phe Gly Leu Met Glu Lys Asp Ser Tyr Pro Arg			
485	490	495	
ttt ctc cgt tct gac ctc tac ctg gac ctt att aac cag aag aag atg			1832
Phe Leu Arg Ser Asp Leu Tyr Leu Asp Leu Ile Asn Gln Lys Lys Met			
500	505	510	515
agt ccc ccg ctt taggggccac tggagtcgag ctcagcgttc acaccaggcg			1884
Ser Pro Pro Leu			
ggctgggtcc cctgcccacc tgcctccctg cccctgtga cggagggggc aagcaagccc			1944
ccagaggccg tgtctctgga cagacggata gacatacga agcgaggcct ggaccaagag			2004
aggcccaggc tactggagga gtagaaggat gggccccgtg gggccccac tgccccgta			2064
cgagggggcc caagaccctg gcaggtcagg ggccctggcc aagccagatc tggagctgct			2124
gctccctgct gcggagaccg cggaggcttc gcgttgacca agttccttaa agaactggct			2184
gatggggcag gaggtccagg cctgggctct cgggccctcc tagagggcc a ttggagcttg			2244
cagctcagac cccactttg agttttatct atttaaata tagttggatg cttggcacgt			2304
cgtcctgtaa taggaaaccc ttgcctcatc agttttcctg atttacaagt gcaatatttt			2364
agccaatgcc ttgggagaag ctgccatgca aaggiggaca ccattctcca gcttcagggg			2424
atatgctcgt cccgggcacc ggtggcaggc agctggcctt ctggactaag gcagcctggg			2484
gggacactgc agtctggcta cacacagaga tctggcaccc cctgggtgga gtgtccctcg			2544
ggggctttgg gaaagcatgg caccctcaga ccacacagta gccaaagtct ggagcaaata			2604
aaaggcctgt gttatttctt gttcttgaaa aaaa			2638

【 0 3 9 7 】

<210> 72

<211> 519

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 72

Met Phe Glu Thr Glu Ala Asp Glu Lys Arg Glu Met Ala Leu Glu Glu
 1 5 10 15
 Gly Lys Gly Pro Gly Ala Glu Asp Ser Pro Pro Ser Lys Glu Pro Ser
 20 25 30
 Pro Gly Gln Glu Leu Pro Pro Gly Gln Asp Leu Pro Pro Asn Lys Asp
 35 40 45
 Ser Pro Ser Gly Gln Glu Pro Ala Pro Ser Gln Glu Pro Leu Ser Ser
 50 55 60
 Lys Asp Ser Ala Thr Ser Glu Gly Ser Pro Pro Gly Pro Asp Ala Pro
 65 70 75 80
 Pro Ser Lys Asp Val Pro Pro Cys Gln Glu Pro Pro Pro Ala Gln Asp
 85 90 95
 Leu Ser Pro Cys Gln Asp Leu Pro Ala Gly Gln Glu Pro Leu Pro His
 100 105 110
 Gln Asp Pro Leu Leu Thr Lys Asp Leu Pro Ala Ile Gln Glu Ser Pro
 115 120 125
 Thr Arg Asp Leu Pro Pro Cys Gln Asp Leu Pro Pro Ser Gln Val Ser
 130 135 140
 Leu Pro Ala Lys Ala Leu Thr Glu Asp Thr Met Ser Ser Gly Asp Leu
 145 150 155 160
 Leu Ala Ala Thr Gly Asp Pro Pro Ala Ala Pro Arg Pro Ala Phe Val
 165 170 175
 Ile Pro Glu Val Arg Leu Asp Ser Thr Tyr Ser Gln Lys Ala Gly Ala
 180 185 190
 Glu Gln Gly Cys Ser Gly Asp Glu Glu Asp Ala Glu Glu Ala Glu Glu
 195 200 205
 Val Glu Glu Gly Glu Glu Gly Glu Glu Asp Glu Asp Glu Asp Thr Ser

210	215	220
Asp Asp Asn Tyr Gly Glu Arg Ser Glu Ala Lys Arg Ser Ser Met Ile		
225	230	235
Glu Thr Gly Gln Gly Ala Glu Gly Gly Leu Ser Leu Arg Val Gln Asn		240
	245	250
Ser Leu Arg Arg Arg Thr His Ser Glu Gly Ser Leu Leu Gln Glu Pro		255
	260	265
Arg Gly Pro Cys Phe Ala Ser Asp Thr Thr Leu His Cys Ser Asp Gly		270
	275	280
Glu Gly Ala Ala Ser Thr Trp Gly Met Pro Ser Pro Ser Thr Leu Lys		285
	290	295
Lys Glu Leu Gly Arg Asn Gly Gly Ser Met His His Leu Ser Leu Phe		300
305	310	315
Phe Thr Gly His Arg Lys Met Ser Gly Ala Asp Thr Val Gly Asp Asp		320
	325	330
Asp Glu Ala Ser Arg Lys Arg Lys Ser Lys Asn Leu Ala Lys Asp Met		335
	340	345
Lys Asn Lys Leu Gly Ile Phe Arg Arg Arg Asn Glu Ser Pro Gly Ala		350
	355	360
Pro Pro Ala Gly Lys Ala Asp Lys Met Met Lys Ser Phe Lys Pro Thr		365
	370	375
Ser Glu Glu Ala Leu Lys Trp Gly Glu Ser Leu Glu Lys Leu Leu Val		380
385	390	395
His Lys Tyr Gly Leu Ala Val Phe Gln Ala Phe Leu Arg Thr Glu Phe		400
	405	410
Ser Glu Glu Asn Leu Glu Phe Trp Leu Ala Cys Glu Asp Phe Lys Lys		415
	420	425
Val Lys Ser Gln Ser Lys Met Ala Ser Lys Ala Lys Lys Ile Phe Ala		430
	435	440
		445

Glu Tyr Ile Ala Ile Gln Ala Cys Lys Glu Val Asn Leu Asp Ser Tyr

450

455

460

Thr Arg Glu His Thr Lys Asp Asn Leu Gln Ser Val Thr Arg Gly Cys

465

470

475

480

Phe Asp Leu Ala Gln Lys Arg Ile Phe Gly Leu Met Glu Lys Asp Ser

485

490

495

Tyr Pro Arg Phe Leu Arg Ser Asp Leu Tyr Leu Asp Leu Ile Asn Gln

500

505

510

Lys Lys Met Ser Pro Pro Leu

515

【 0 3 9 8 】

<210> 73

<211> 1901

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (250)..(1206)

<400> 73

aaaaaacagc agggttagct tgtccctccc ctccctcttc agcttcccag acactgattc 60

tggaatgaaa attcacctgc ctctgagttg gctcctaattg ggggtgggag tgttacttcg 120

gttcccaggt tggaagatta tctcaccgg cccagctat ataagctgac cggtgtggag 180

gggcccagca gggccaactc cagggattcc ttccacgaca gaaaaacata caagactcct 240

tcagccaac atg atg gta ctg aaa gta gag gaa ctg gtc act gga aag aag 291

Met Met Val Leu Lys Val Glu Glu Leu Val Thr Gly Lys Lys

1

5

10

aat ggc aat ggg gag gca ggg gaa ttc ctt cct gag gat ttc aga gat 339

Asn Gly Asn Gly Glu Ala Gly Glu Phe Leu Pro Glu Asp Phe Arg Asp

15

20

25

30

gga gag tat gaa gct gct gtt act tta gag aag cag gag gat ctg aag	387
Gly Glu Tyr Glu Ala Ala Val Thr Leu Glu Lys Gln Glu Asp Leu Lys	
35 40 45	
aca ctt cta gcc cac cct gtg acc ctg ggg gag caa cag tgg aaa agc	435
Thr Leu Leu Ala His Pro Val Thr Leu Gly Glu Gln Gln Trp Lys Ser	
50 55 60	
gag aaa caa cga gag gca gag ctc cca aag aaa aaa cta gaa caa aga	483
Glu Lys Gln Arg Glu Ala Glu Leu Pro Lys Lys Lys Leu Glu Gln Arg	
65 70 75	
tcc aag ctt gaa aat tta gaa gac ctt gaa ata atc att caa ctg aag	531
Ser Lys Leu Glu Asn Leu Glu Asp Leu Glu Ile Ile Ile Gln Leu Lys	
80 85 90	
aaa agg aaa aaa tac agg aaa act aaa gtt cca gtt gta aag gaa cca	579
Lys Arg Lys Lys Tyr Arg Lys Thr Lys Val Pro Val Val Lys Glu Pro	
95 100 105 110	
gaa cct gaa atc att acg gaa cct gtg gat gtg cct acg ttt ctg aag	627
Glu Pro Glu Ile Ile Thr Glu Pro Val Asp Val Pro Thr Phe Leu Lys	
115 120 125	
gct gct ctg gag aat aaa ctg cca gta gta gaa aaa ttc ttg tca gac	675
Ala Ala Leu Glu Asn Lys Leu Pro Val Val Glu Lys Phe Leu Ser Asp	
130 135 140	
aag aac aat cca gat gtt tgt gat gag tat aaa cgg aca gct ctt cat	723
Lys Asn Asn Pro Asp Val Cys Asp Glu Tyr Lys Arg Thr Ala Leu His	
145 150 155	
aga gca tgc ttg gaa gga cat ttg gca att gtg gag aag tta atg gaa	771
Arg Ala Cys Leu Glu Gly His Leu Ala Ile Val Glu Lys Leu Met Glu	
160 165 170	
gct gga gcc cag atc gaa ttc cgt gat atg ctt gaa tcc aca gcc atc	819
Ala Gly Ala Gln Ile Glu Phe Arg Asp Met Leu Glu Ser Thr Ala Ile	

175	180	185	190	
cac tgg gca agc cgt gga gga aac ctg gat gtt tta aaa ttg ttg ctg	867			
His Trp Ala Ser Arg Gly Gly Asn Leu Asp Val Leu Lys Leu Leu Leu				
195	200	205		
aat aaa gga gca aaa att agc gcc cga gat aag ttg ctc agc aca gcg	915			
Asn Lys Gly Ala Lys Ile Ser Ala Arg Asp Lys Leu Leu Ser Thr Ala				
210	215	220		
ctg cat gtg gcg gtg agg act ggc cac tat gag tgc gcg gag cat ctt	963			
Leu His Val Ala Val Arg Thr Gly His Tyr Glu Cys Ala Glu His Leu				
225	230	235		
atc gcc tgt gag gca gac ctc aac gcc aaa gac aga gaa gga gat acc	1011			
Ile Ala Cys Glu Ala Asp Leu Asn Ala Lys Asp Arg Glu Gly Asp Thr				
240	245	250		
ccg ttg cat gat gcg gtg aga ctg aac cgc tat aag atg atc cga ctc	1059			
Pro Leu His Asp Ala Val Arg Leu Asn Arg Tyr Lys Met Ile Arg Leu				
255	260	265	270	
ctg att atg tat ggc gcg gat ctc aac atc aag aac tgt gct ggg aag	1107			
Leu Ile Met Tyr Gly Ala Asp Leu Asn Ile Lys Asn Cys Ala Gly Lys				
275	280	285		
acg ccg atg gat ctg gtg cta cac tgg cag aat gga acc aaa gca ata	1155			
Thr Pro Met Asp Leu Val Leu His Trp Gln Asn Gly Thr Lys Ala Ile				
290	295	300		
ttc gac agc ctc aga gag aac tcc tac aag acc tct cgc ata gct aca	1203			
Phe Asp Ser Leu Arg Glu Asn Ser Tyr Lys Thr Ser Arg Ile Ala Thr				
305	310	315		
ttc tgaggcaaac gacagactct taatcagtaa atgttcactg gcattttgaa	1256			
Phe				
ggcatggccc aggagaagag acactagcca taaaatctag tttctattta tcaacgtggt	1316			
gtgaagatgt acctaatagaa gttttgagaa agcacagggt tataggtggt taaatttcct	1376			

ttagtgaaac tcttatttat ttttatgtat tcctgtttat ttattttactg ccacgctact 1436
 gatattcaga ccttcatgat catccatctg gtgagcagag cttcatttgt atataacact 1496
 ttcagagcct tcccacccat aggtagtctt taaaccaggt gaaagagcaa agttcaagtg 1556
 cctacttatg tgtcattcgc tcatgtaaga gtttttaaga gagggctgat tatcacagcc 1616
 ctctttttctc ctgaattttt aatgcagaag tttgaatgaa gcaagggaag gcatgtaggg 1676
 acaggaaagg aaacaatgga aggaaagiga ttctgtgaaa aggacagtga agccagctat 1736
 tttaccccca ggctggattt tttttttttt tttttttttt ttttttttta ccgagtacac 1796
 agagtacca agtgaagaga acgtcatgag tgtaagtgca aatcagtgga aggagcggca 1856
 aactgggaca tgcagaattg aatttgctca aaaaaaaaaa aaaaa 1901

【 0 3 9 9 】

<210> 74

<211> 319

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 74

Met Met Val Leu Lys Val Glu Glu Leu Val Thr Gly Lys Lys Asn Gly

1 5 10 15

Asn Gly Glu Ala Gly Glu Phe Leu Pro Glu Asp Phe Arg Asp Gly Glu

20 25 30

Tyr Glu Ala Ala Val Thr Leu Glu Lys Gln Glu Asp Leu Lys Thr Leu

35 40 45

Leu Ala His Pro Val Thr Leu Gly Glu Gln Gln Trp Lys Ser Glu Lys

50 55 60

Gln Arg Glu Ala Glu Leu Pro Lys Lys Lys Leu Glu Gln Arg Ser Lys

65 70 75 80

Leu Glu Asn Leu Glu Asp Leu Glu Ile Ile Ile Gln Leu Lys Lys Arg

85 90 95

Lys Lys Tyr Arg Lys Thr Lys Val Pro Val Val Lys Glu Pro Glu Pro

100 105 110

Glu Ile Ile Thr Glu Pro Val Asp Val Pro Thr Phe Leu Lys Ala Ala			
115	120	125	
Leu Glu Asn Lys Leu Pro Val Val Glu Lys Phe Leu Ser Asp Lys Asn			
130	135	140	
Asn Pro Asn Val Cys Asp Glu Tyr Lys Arg Thr Ala Leu His Arg Ala			
145	150	155	160
Cys Leu Glu Gly His Leu Ala Ile Val Glu Lys Leu Met Glu Ala Gly			
165	170	175	
Ala Gln Ile Glu Phe Arg Asp Met Leu Glu Ser Thr Ala Ile His Trp			
180	185	190	
Ala Ser Arg Gly Gly Asn Leu Asp Val Leu Lys Leu Leu Leu Asn Lys			
195	200	205	
Gly Ala Lys Ile Ser Ala Arg Asp Lys Leu Leu Ser Thr Ala Leu His			
210	215	220	
Val Ala Val Arg Thr Gly His Tyr Glu Cys Ala Glu His Leu Ile Ala			
225	230	235	240
Cys Glu Ala Asp Leu Asn Ala Lys Asp Arg Glu Gly Asp Thr Pro Leu			
245	250	255	
His Asp Ala Val Arg Leu Asn Arg Tyr Lys Met Ile Arg Leu Leu Ile			
260	265	270	
Met Tyr Gly Ala Asp Leu Asn Ile Lys Asn Cys Ala Gly Lys Thr Pro			
275	280	285	
Met Asp Leu Val Leu His Trp Gln Asn Gly Thr Lys Ala Ile Phe Asp			
290	295	300	
Ser Leu Arg Glu Asn Ser Tyr Lys Thr Ser Arg Ile Ala Thr Phe			
305	310	315	

【 0 4 0 0 】

<210> 75

<211> 5613

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (118)..(5475)

<400> 75

```

cccgagcag ggcgagagct cgcgtcgccg gaaaggaaga cggaagaaa ggcaggcgg 60
ctcggcgggc gtcttctcca ctctctgcc gcgtccccgt ggctgcaggg agccggc 117
atg ggg ctt ctc cag ttg cta gct ttc agt ttc tta gcc ctg tgc aga 165
Met Gly Leu Leu Gln Leu Leu Ala Phe Ser Phe Leu Ala Leu Cys Arg
    1             5             10             15
gcc cga gtg cgc gct cag gaa ccc gag ttc agc tac ggc tgc gca gaa 213
Ala Arg Val Arg Ala Gln Glu Pro Glu Phe Ser Tyr Gly Cys Ala Glu
           20             25             30
ggc agc tgc tat ccc gcc acg ggc gac ctt ctc atc ggc cga gca cag 261
Gly Ser Cys Tyr Pro Ala Thr Gly Asp Leu Leu Ile Gly Arg Ala Gln
           35             40             45
aag ctt tcg gtg acc tcg acg tgc ggg ctg cac aag ccc gaa ccc tac 309
Lys Leu Ser Val Thr Ser Thr Cys Gly Leu His Lys Pro Glu Pro Tyr
           50             55             60
tgt atc gtc agc cac ttg cag gag gac aaa aaa tgc ttc ata tgc aat 357
Cys Ile Val Ser His Leu Gln Glu Asp Lys Lys Cys Phe Ile Cys Asn
           65             70             75             80
tcc caa gat cct tat cat gag acc ctg aat cct gac agc cat ctc att 405
Ser Gln Asp Pro Tyr His Glu Thr Leu Asn Pro Asp Ser His Leu Ile
           85             90             95
gaa aat gtg gtc act aca ttt gct cca aac cgc ctt aag att tgg tgg 453
Glu Asn Val Val Thr Thr Phe Ala Pro Asn Arg Leu Lys Ile Trp Trp
          100             105             110

```


caa tct gaa aat ggt gtg gaa aat gta act atc caa ctg gat ttg gaa	501
Gln Ser Glu Asn Gly Val Glu Asn Val Thr Ile Gln Leu Asp Leu Glu	
115 120 125	
gca gaa ttc cat ttt act cat ctc ata atg act ttc aag aca ttc cgt	549
Ala Glu Phe His Phe Thr His Leu Ile Met Thr Phe Lys Thr Phe Arg	
130 135 140	
cca gct gct atg ctg ata gaa cga tcg tcc gac ttt ggg aaa acc tgg	597
Pro Ala Ala Met Leu Ile Glu Arg Ser Ser Asp Phe Gly Lys Thr Trp	
145 150 155 160	
ggt gtg tat aga tac ttc gcc tat gac tgt gag gcc tcg ttt cca ggc	645
Gly Val Tyr Arg Tyr Phe Ala Tyr Asp Cys Glu Ala Ser Phe Pro Gly	
165 170 175	
att tca act ggc ccc atg aaa aaa gtc gat gac ata att tgt gat tct	693
Ile Ser Thr Gly Pro Met Lys Lys Val Asp Asp Ile Ile Cys Asp Ser	
180 185 190	
cga tat tct gac att gaa ccc tca act gaa gga gag gtg ata ttt cgt	741
Arg Tyr Ser Asp Ile Glu Pro Ser Thr Glu Gly Glu Val Ile Phe Arg	
195 200 205	
gct tta gat cct gct ttc aaa ata gaa gat cct tat agc cca agg ata	789
Ala Leu Asp Pro Ala Phe Lys Ile Glu Asp Pro Tyr Ser Pro Arg Ile	
210 215 220	
cag aat tta tta aaa att acc aac ttg aga atc aag ttt gtg aaa ctg	837
Gln Asn Leu Leu Lys Ile Thr Asn Leu Arg Ile Lys Phe Val Lys Leu	
225 230 235 240	
cat act ttg gga gat aac ctt ctg gat tcc agg atg gaa atc aga gaa	885
His Thr Leu Gly Asp Asn Leu Leu Asp Ser Arg Met Glu Ile Arg Glu	
245 250 255	
aag tat tat tat gca gtt tat gat atg gtg gtt cga gga aat tgc ttc	933
Lys Tyr Tyr Tyr Ala Val Tyr Asp Met Val Val Arg Gly Asn Cys Phe	

260	265	270	
tgc tat ggt cat gcc agc gaa tgt gcc cct gtg gat gga ttc aat gaa	981		
Cys Tyr Gly His Ala Ser Glu Cys Ala Pro Val Asp Gly Phe Asn Glu			
275	280	285	
gaa gtg gaa gga atg gtt cac gga cac tgc atg tgc agg cat aac acc	1029		
Glu Val Glu Gly Met Val His Gly His Cys Met Cys Arg His Asn Thr			
290	295	300	
aag ggc tta aac tgt gaa ctc tgc atg gat ttc tac cat gat tta cct	1077		
Lys Gly Leu Asn Cys Glu Leu Cys Met Asp Phe Tyr His Asp Leu Pro			
305	310	315	320
tgg aga cct gct gaa ggc cga aac agc aac gcc tgt aaa aaa tgt aac	1125		
Trp Arg Pro Ala Glu Gly Arg Asn Ser Asn Ala Cys Lys Lys Cys Asn			
325	330	335	
tgc aat gaa cat tcc atc tct tgt cac ttt gac atg gct gtt tac ctg	1173		
Cys Asn Glu His Ser Ile Ser Cys His Phe Asp Met Ala Val Tyr Leu			
340	345	350	
gcc acg ggg aac gtc agc gga ggc gtg tgt gat gac tgt cag cac aac	1221		
Ala Thr Gly Asn Val Ser Gly Gly Val Cys Asp Asp Cys Gln His Asn			
355	360	365	
acc atg ggg cgc aac tgt gag cag tgc aag ccg ttt tac tac cag cac	1269		
Thr Met Gly Arg Asn Cys Glu Gln Cys Lys Pro Phe Tyr Tyr Gln His			
370	375	380	
cca gag agg gac atc cga gat cct aat ttc tgt gaa cga tgt acg tgt	1317		
Pro Glu Arg Asp Ile Arg Asp Pro Asn Phe Cys Glu Arg Cys Thr Cys			
385	390	395	400
gac cca gct ggc tct caa aat gag gga att tgt gac agc tat act gat	1365		
Asp Pr Ala Gly Ser Gln Asn Glu Gly Ile Cys Asp Ser Tyr Thr Asp			
405	410	415	
ttt tct act ggt ctc att gct ggc cag tgt cgg tgt aaa tta aat gtg	1413		

Phe Ser Thr Gly Leu Ile Ala Gly Gln Cys Arg Cys Lys Leu Asn Val	
420	425
gaa gga gaa cat tgt gat gtt tgc aaa gaa ggc ttc tat gat tta agc	1461
Glu Gly Glu His Cys Asp Val Cys Lys Glu Gly Phe Tyr Asp Leu Ser	
435	440
agt gaa gat cca ttt ggt tgt aaa tct tgt gct tgc aat cct ctg gga	1509
Ser Glu Asp Pro Phe Gly Cys Lys Ser Cys Ala Cys Asn Pro Leu Gly	
450	455
aca att cct gga ggg aat cct tgt gat tcc gag aca ggt cac tgc tac	1557
Thr Ile Pro Gly Gly Asn Pro Cys Asp Ser Glu Thr Gly His Cys Tyr	
465	470
tgc aag cgt ctg gtg aca gga cag cat tgt gac cag tgc ctg cca gag	1605
Cys Lys Arg Leu Val Thr Gly Gln His Cys Asp Gln Cys Leu Pro Glu	
485	490
cac tgg ggc tta agc aat gat ttg gat gga tgt cga cca tgt gac tgt	1653
His Trp Gly Leu Ser Asn Asp Leu Asp Gly Cys Arg Pro Cys Asp Cys	
500	505
gac ctt ggg gga gcc tta aac aac agt tgc ttt gcg gag tca ggc cag	1701
Asp Leu Gly Gly Ala Leu Asn Asn Ser Cys Phe Ala Glu Ser Gly Gln	
515	520
tgc tca tgc cgg cct cac atg att gga cgt cag tgc aac gaa gtg gaa	1749
Cys Ser Cys Arg Pro His Met Ile Gly Arg Gln Cys Asn Glu Val Glu	
530	535
cct ggt tac tac ttt gcc acc ctg gat cac tac ctc tat gaa gcg gag	1797
Pro Gly Tyr Tyr Phe Ala Thr Leu Asp His Tyr Leu Tyr Glu Ala Glu	
545	550
gaa gcc aac ttg ggg cct ggg gtt agc ata gtg gag cgg caa tat atc	1845
Glu Ala Asn Leu Gly Pro Gly Val Ser Ile Val Glu Arg Gln Tyr Ile	
565	570

cag gac cgg att ccc tcc tgg act gga gcc ggc ttc gtc cga gtg cct	1893
Gln Asp Arg Ile Pro Ser Trp Thr Gly Ala Gly Phe Val Arg Val Pro	
580 585 590	
gaa ggg gct tat ttg gag ttt ttc att gac aac ata cca tat tcc atg	1941
Glu Gly Ala Tyr Leu Glu Phe Phe Ile Asp Asn Ile Pro Tyr Ser Met	
595 600 605	
gag tac gac atc cta att cgc tac gag cca cag cta ccc gac cac tgg	1989
Glu Tyr Asp Ile Leu Ile Arg Tyr Glu Pro Gln Leu Pro Asp His Trp	
610 615 620	
gaa aaa gct gtc atc aca gtg cag cga cct gga agg att cca acc agc	2037
Glu Lys Ala Val Ile Thr Val Gln Arg Pro Gly Arg Ile Pro Thr Ser	
625 630 635 640	
agc cga tgt ggt aat acc atc ccc gat gat gac aac cag gtg gtg tca	2085
Ser Arg Cys Gly Asn Thr Ile Pro Asp Asp Asp Asn Gln Val Val Ser	
645 650 655	
tta tca cca ggc tca aga tat gtc gtc ctt cct cgg ccg gtg tgc ttt	2133
Leu Ser Pro Gly Ser Arg Tyr Val Val Leu Pro Arg Pro Val Cys Phe	
660 665 670	
gag aag gga aca aac tac acg gtg agg ttg gag ctg cct cag tac acc	2181
Glu Lys Gly Thr Asn Tyr Thr Val Arg Leu Glu Leu Pro Gln Tyr Thr	
675 680 685	
tcc tct gat agc gac gtg gag agc ccc tac acg ctg atc gat tct ctt	2229
Ser Ser Asp Ser Asp Val Glu Ser Pro Tyr Thr Leu Ile Asp Ser Leu	
690 695 700	
gtt ctc atg cca tac tgt aaa tca ctg gac atc ttc acc gtg gga ggt	2277
Val Leu Met Pro Tyr Cys Lys Ser Leu Asp Ile Phe Thr Val Gly Gly	
705 710 715 720	
tca gga gat ggg gtg gtc acc aac agt gcc tgg gaa acc ttt cag aga	2325
Ser Gly Asp Gly Val Val Thr Asn Ser Ala Trp Glu Thr Phe Gln Arg	

725	730	735	
tac cga tgt cta gag aac agc aga agc gtt gtg aaa aca ccg atg aca			2373
Tyr Arg Cys Leu Glu Asn Ser Arg Ser Val Val Lys Thr Pro Met Thr			
740	745	750	
gat gtt tgc aga aac atc atc ttt agc att tct gcc ctg tta cac cag			2421
Asp Val Cys Arg Asn Ile Ile Phe Ser Ile Ser Ala Leu Leu His Gln			
755	760	765	
aca ggc ctg gct tgt gaa tgc gac cct cag ggt tgc tta agt tcc gtg			2469
Thr Gly Leu Ala Cys Glu Cys Asp Pro Gln Gly Ser Leu Ser Ser Val			
770	775	780	
tgt gat ccc aac gga ggc cag tgc cag tgc cgg ccc aac gtg gtt gga			2517
Cys Asp Pro Asn Gly Gly Gln Cys Gln Cys Arg Pro Asn Val Val Gly			
785	790	795	800
aga acc tgc aac aga tgt gca cct gga act ttt ggc ttt ggc ccc agt			2565
Arg Thr Cys Asn Arg Cys Ala Pro Gly Thr Phe Gly Phe Gly Pro Ser			
805	810	815	
gga tgc aaa cct tgt gag tgc cat ctg caa gga tct gtc aat gcc ttc			2613
Gly Cys Lys Pro Cys Glu Cys His Leu Gln Gly Ser Val Asn Ala Phe			
820	825	830	
tgc aat ccc gtc act ggc cag tgc cac tgt ttc cag gga gtg tat gct			2661
Cys Asn Pro Val Thr Gly Gln Cys His Cys Phe Gln Gly Val Tyr Ala			
835	840	845	
cgg cag tgt gat cgg tgc tta cct ggg cac tgg ggc ttt cca agt tgc			2709
Arg Gln Cys Asp Arg Cys Leu Pro Gly His Trp Gly Phe Pro Ser Cys			
850	855	860	
cag ccc tgc cag tgc aat ggc cac gcc gat gac tgc gac cca gtg act			2757
Gln Pro Cys Gln Cys Asn Gly His Ala Asp Asp Cys Asp Pro Val Thr			
865	870	875	880
ggg gag tgc ttg aac tgc cag gac tac acc atg ggt cat aac tgt gaa			2805

Gly Glu Cys Leu Asn Cys Gln Asp Tyr Thr Met Gly His Asn Cys Glu	
885	890
agg tgc ttg gct ggt tac tat ggc gac ccc atc att ggg tca ggt gat	2853
Arg Cys Leu Ala Gly Tyr Tyr Gly Asp Pro Ile Ile Gly Ser Gly Asp	
900	905
cac tgc cgc cct tgc cct tgc cca gat ggt ccc gac agt gga cgc cag	2901
His Cys Arg Pro Cys Pro Cys Pro Asp Gly Pro Asp Ser Gly Arg Gln	
915	920
ttt gcc agg agc tgc tac caa gat cct gtt act tta cag ctt gcc tgt	2949
Phe Ala Arg Ser Cys Tyr Gln Asp Pro Val Thr Leu Gln Leu Ala Cys	
930	935
ggt tgt gat cct gga tac att ggt tcc aga tgt gac gac tgt gcc tca	2997
Val Cys Asp Pro Gly Tyr Ile Gly Ser Arg Cys Asp Asp Cys Ala Ser	
945	950
gga tac ttt ggc aat cca tca gaa gtt ggg ggg tcg tgt cag cct tgc	3045
Gly Tyr Phe Gly Asn Pro Ser Glu Val Gly Gly Ser Cys Gln Pro Cys	
965	970
cag tgt cac aac aac att gac acg aca gac cca gaa gcc tgt gac aag	3093
Gln Cys His Asn Asn Ile Asp Thr Thr Asp Pro Glu Ala Cys Asp Lys	
980	985
gag act ggg agg tgt ctc aag tgc ctg tac cac acg gaa ggg gaa cac	3141
Glu Thr Gly Arg Cys Leu Lys Cys Leu Tyr His Thr Glu Gly Glu His	
995	1000
tgt cag ttc tgc cgg ttt gga tac tat ggt gat gcc ctc cgg cag gac	3189
Cys Gln Phe Cys Arg Phe Gly Tyr Tyr Gly Asp Ala Leu Arg Gln Asp	
1010	1015
tgt cga aag tgt gtc tgt aat tac ctg ggc acc gtg caa gag cac tgt	3237
Cys Arg Lys Cys Val Cys Asn Tyr Leu Gly Thr Val Gln Glu His Cys	
1025	1030
	1035
	1040

aac ggc tct gac tgc cag tgc gac aaa gcc act ggt cag tgc ttg tgt	3285
Asn Gly Ser Asp Cys Gln Cys Asp Lys Ala Thr Gly Gln Cys Leu Cys	
1045 1050 1055	
ctt cct aat gtg atc ggg cag aac tgt gac cgc tgt gcg ccc aat acc	3333
Leu Pro Asn Val Ile Gly Gln Asn Cys Asp Arg Cys Ala Pro Asn Thr	
1060 1065 1070	
tgg cag ctg gcc agt ggc act ggc tgt gac cca tgc aac tgc aat gct	3381
Trp Gln Leu Ala Ser Gly Thr Gly Cys Asp Pro Cys Asn Cys Asn Ala	
1075 1080 1085	
gct cat tcc ttc ggg cca tct tgc aat gag ttc acg ggg cag tgc cag	3429
Ala His Ser Phe Gly Pro Ser Cys Asn Glu Phe Thr Gly Gln Cys Gln	
1090 1095 1100	
tgc atg cct ggg ttt gga ggc cgc acc tgc agc gag tgc cag gaa ctc	3477
Cys Met Pro Gly Phe Gly Gly Arg Thr Cys Ser Glu Cys Gln Glu Leu	
1105 1110 1115 1120	
ttc tgg gga gac ccc gac gtg gag tgc cga gcc tgt gac tgt gac ccc	3525
Phe Trp Gly Asp Pro Asp Val Glu Cys Arg Ala Cys Asp Cys Asp Pro	
1125 1130 1135	
agg ggc att gag acg cca cag tgt gac cag tcc acg ggc cag tgt gtc	3573
Arg Gly Ile Glu Thr Pro Gln Cys Asp Gln Ser Thr Gly Gln Cys Val	
1140 1145 1150	
tgc gtt gag ggt gtt gag ggt cca cgc tgt gac aag tgc acg cga ggg	3621
Cys Val Glu Gly Val Glu Gly Pro Arg Cys Asp Lys Cys Thr Arg Gly	
1155 1160 1165	
tac tcg ggg gtc ttc cct gac tgc aca ccc tgc cac cag tgc ttt gct	3669
Tyr Ser Gly Val Phe Pro Asp Cys Thr Pro Cys His Gln Cys Phe Ala	
1170 1175 1180	
ctc tgg gat gtg atc att gcc gag ctg acc aac agg aca cac aga ttc	3717
Leu Trp Asp Val Ile Ile Ala Glu Leu Thr Asn Arg Thr His Arg Phe	

1185	1190	1195	1200	
ctg gag aaa gcc aag gcc ttg aag atc agt ggt gtg atc ggg cct tac				3765
Leu Glu Lys Ala Lys Ala Leu Lys Ile Ser Gly Val Ile Gly Pro Tyr				
1205	1210	1215		
cgt gag act gtg gac tcg gtg gag agg aaa gtc agc gag ata aaa gac				3813
Arg Glu Thr Val Asp Ser Val Glu Arg Lys Val Ser Glu Ile Lys Asp				
1220	1225	1230		
atc ctg gcg cag agc ccc gca gca gag cca ctg aaa aac att ggg aat				3861
Ile Leu Ala Gln Ser Pro Ala Ala Glu Pro Leu Lys Asn Ile Gly Asn				
1235	1240	1245		
ctc ttt gag gaa gca gag aaa ctg att aaa gat gtt aca gaa atg atg				3909
Leu Phe Glu Glu Ala Glu Lys Leu Ile Lys Asp Val Thr Glu Met Met				
1250	1255	1260		
gct caa gta gaa gtg aaa tta tct gac aca act tcc caa agc aac agc				3957
Ala Gln Val Glu Val Lys Leu Ser Asp Thr Thr Ser Gln Ser Asn Ser				
1265	1270	1275	1280	
aca gcc aaa gaa ctg gat tct cta cag aca gaa gcc gaa agc cta gac				4005
Thr Ala Lys Glu Leu Asp Ser Leu Gln Thr Glu Ala Glu Ser Leu Asp				
1285	1290	1295		
aac act gtg aaa gaa ctt gct gaa caa ctg gaa ttt atc aaa aac tca				4053
Asn Thr Val Lys Glu Leu Ala Glu Gln Leu Glu Phe Ile Lys Asn Ser				
1300	1305	1310		
gat att cgg ggt gcc ttg gat agc att acc aag tat ttc cag atg tct				4101
Asp Ile Arg Gly Ala Leu Asp Ser Ile Thr Lys Tyr Phe Gln Met Ser				
1315	1320	1325		
ctt gag gca gag gag agg gtg aat gcc tcc acc aca gaa ccc aac agc				4149
Leu Glu Ala Glu Glu Arg Val Asn Ala Ser Thr Thr Glu Pro Asn Ser				
1330	1335	1340		
act gtg gag cag tca gcc ctc atg aga gac aga gta gaa gac gtg atg				4197

Thr Val Glu Gln Ser Ala Leu Met Arg Asp Arg Val Glu Asp Val Met	
1345 1350 1355 1360	
atg gag cga gaa tcc cag ttc aag gaa aaa caa gag gag cag gct cgc	4245
Met Glu Arg Glu Ser Gln Phe Lys Glu Lys Gln Glu Glu Gln Ala Arg	
1365 1370 1375	
ctc ctt gat gaa ctg gca ggc aag cta caa agc cta gac ctt tca gcc	4293
Leu Leu Asp Glu Leu Ala Gly Lys Leu Gln Ser Leu Asp Leu Ser Ala	
1380 1385 1390	
gct gcc gaa atg acc tgt gga aca ccc cca ggg gcc tcc tgt tcc gag	4341
Ala Ala Glu Met Thr Cys Gly Thr Pro Pro Gly Ala Ser Cys Ser Glu	
1395 1400 1405	
act gaa tgt ggc ggg cca aac tgc aga act gac gaa gga gag agg aag	4389
Thr Glu Cys Gly Gly Pro Asn Cys Arg Thr Asp Glu Gly Glu Arg Lys	
1410 1415 1420	
tgt ggg ggg cct ggc tgt ggt ggt ctg gtt act gtt gca cac aac gcc	4437
Cys Gly Gly Pro Gly Cys Gly Gly Leu Val Thr Val Ala His Asn Ala	
1425 1430 1435 1440	
tgg cag aaa gcc atg gac ttg gac caa gat gtc ctg agt gcc ctg gct	4485
Trp Gln Lys Ala Met Asp Leu Asp Gln Asp Val Leu Ser Ala Leu Ala	
1445 1450 1455	
gaa gtg gaa cag ctc tcc aag atg gtc tct gaa gca aaa ctg agg gca	4533
Glu Val Glu Gln Leu Ser Lys Met Val Ser Glu Ala Lys Leu Arg Ala	
1460 1465 1470	
gat gag gca aaa caa agt gct gaa gac att ctg ttg aag aca aat gct	4581
Asp Glu Ala Lys Gln Ser Ala Glu Asp Ile Leu Leu Lys Thr Asn Ala	
1475 1480 1485	
acc aaa gaa aaa atg gac aag agc aat gag gag ctg aga aat cta atc	4629
Thr Lys Glu Lys Met Asp Lys Ser Asn Glu Glu Leu Arg Asn Leu Ile	
1490 1495 1500	

aag caa atc aga aac ttt ttg acc cag gat agt gct gat ttg gac agc	4677
Lys Gln Ile Arg Asn Phe Leu Thr Gln Asp Ser Ala Asp Leu Asp Ser	
1505 1510 1515 1520	
att gaa gca gtt gct aat gaa gta ttg aaa atg gag atg cct agc acc	4725
Ile Glu Ala Val Ala Asn Glu Val Leu Lys Met Glu Met Pro Ser Thr	
1525 1530 1535	
cca cag cag tta cag aac ttg aca gaa gat ata cgt gaa cga gtt gaa	4773
Pro Gln Gln Leu Gln Asn Leu Thr Glu Asp Ile Arg Glu Arg Val Glu	
1540 1545 1550	
agc ctt tct caa gta gag gtt att ctt cag cat agt gct gct gac att	4821
Ser Leu Ser Gln Val Glu Val Ile Leu Gln His Ser Ala Ala Asp Ile	
1555 1560 1565	
gcc aga gct gag atg ttg tta gaa gaa gct aaa aga gca agc aaa agt	4869
Ala Arg Ala Glu Met Leu Leu Glu Glu Ala Lys Arg Ala Ser Lys Ser	
1570 1575 1580	
gca aca gat gtt aaa gtc act gca gat atg gta aag gaa gct ctg gaa	4917
Ala Thr Asp Val Lys Val Thr Ala Asp Met Val Lys Glu Ala Leu Glu	
1585 1590 1595 1600	
gaa gca gaa aag gcc cag gtc gca gca gag aag gca att aaa caa gca	4965
Glu Ala Glu Lys Ala Gln Val Ala Ala Glu Lys Ala Ile Lys Gln Ala	
1605 1610 1615	
gat gaa gac att caa gga acc cag aac ctg tta act tcg att gag tct	5013
Asp Glu Asp Ile Gln Gly Thr Gln Asn Leu Leu Thr Ser Ile Glu Ser	
1620 1625 1630	
gaa aca gca gct tct gag gaa acc ttg ttc aac gcg tcc cag cgc atc	5061
Glu Thr Ala Ala Ser Glu Glu Thr Leu Phe Asn Ala Ser Gln Arg Ile	
1635 1640 1645	
agc gag tta gag agg aat gtg gaa gaa ctt aag cgg aaa gct gcc caa	5109
Ser Glu Leu Glu Arg Asn Val Glu Glu Leu Lys Arg Lys Ala Ala Gln	

1650	1655	1660	
aac tcc ggg gag gca gaa tat att gaa aaa gta gta tat act gtg aag			5157
Asn Ser Gly Glu Ala Glu Tyr Ile Glu Lys Val Val Tyr Thr Val Lys			
1665	1670	1675	1680
caa apt gca gaa gat gtt aag aag act tta gat ggt gaa ctt gat gaa			5205
Gln Ser Ala Glu Asp Val Lys Lys Thr Leu Asp Gly Glu Leu Asp Glu			
1685	1690	1695	
aag tat aaa aaa gta gaa aat tta att gcc aaa aaa act gaa gag tca			5253
Lys Tyr Lys Lys Val Glu Asn Leu Ile Ala Lys Lys Thr Glu Glu Ser			
1700	1705	1710	
gct gat gcc aga agg aaa gcc gaa atg cta caa aat gaa gca aaa act			5301
Ala Asp Ala Arg Arg Lys Ala Glu Met Leu Gln Asn Glu Ala Lys Thr			
1715	1720	1725	
ctt tta gct caa gca aat agc aag ctg caa ctg ctc aaa gat tta gaa			5349
Leu Leu Ala Gln Ala Asn Ser Lys Leu Gln Leu Leu Lys Asp Leu Glu			
1730	1735	1740	
aga aaa tat gaa gac aat caa aga tac tta gaa gat aaa gct caa gaa			5397
Arg Lys Tyr Glu Asp Asn Gln Arg Tyr Leu Glu Asp Lys Ala Gln Glu			
1745	1750	1755	1760
tta gca aga ctg gaa gga gaa gtc cgt tca ctc cta aag gat ata agc			5445
Leu Ala Arg Leu Glu Gly Glu Val Arg Ser Leu Leu Lys Asp Ile Ser			
1765	1770	1775	
cag aaa gtt gct gtg tat agc aca tgc ttg taacagagga gaataaaaaa			5495
Gln Lys Val Ala Val Tyr Ser Thr Cys Leu			
1780	1785		
tggtgaggt gaacaaggta aaacaactac attttaaaaa ctgacttaat gctcttcaaa			5555
ataaaacatc acctatttaa tgtttttaat cacattttgt atgagttaaa taaagccc			5613

【 0 4 0 1 】

<210> 76

<211> 1786

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 76

Met	Gly	Leu	Leu	Gln	Leu	Leu	Ala	Phe	Ser	Phe	Leu	Ala	Leu	Cys	Arg
1				5					10					15	
Ala	Arg	Val	Arg	Ala	Gln	Glu	Pro	Glu	Phe	Ser	Tyr	Gly	Cys	Ala	Glu
			20					25					30		
Gly	Ser	Cys	Tyr	Pro	Ala	Thr	Gly	Asp	Leu	Leu	Ile	Gly	Arg	Ala	Gln
			35					40					45		
Lys	Leu	Ser	Val	Thr	Ser	Thr	Cys	Gly	Leu	His	Lys	Pro	Glu	Pro	Tyr
		50					55				60				
Cys	Ile	Val	Ser	His	Leu	Gln	Glu	Asp	Lys	Lys	Cys	Phe	Ile	Cys	Asn
65					70					75					80
Ser	Gln	Asp	Pro	Tyr	His	Glu	Thr	Leu	Asn	Pro	Asp	Ser	His	Leu	Ile
					85					90				95	
Glu	Asn	Val	Val	Thr	Thr	Phe	Ala	Pro	Asn	Arg	Leu	Lys	Ile	Trp	Trp
			100						105				110		
Gln	Ser	Glu	Asn	Gly	Val	Glu	Asn	Val	Thr	Ile	Gln	Leu	Asp	Leu	Glu
			115						120				125		
Ala	Glu	Phe	His	Phe	Thr	His	Leu	Ile	Met	Thr	Phe	Lys	Thr	Phe	Arg
			130						135				140		
Pro	Ala	Ala	Met	Leu	Ile	Glu	Arg	Ser	Ser	Asp	Phe	Gly	Lys	Thr	Trp
145						150				155				160	
Gly	Val	Tyr	Arg	Tyr	Phe	Ala	Tyr	Asp	Cys	Glu	Ala	Ser	Phe	Pro	Gly
					165					170				175	
Ile	Ser	Thr	Gly	Pro	Met	Lys	Lys	Val	Asp	Asp	Ile	Ile	Cys	Asp	Ser
					180					185				190	
Arg	Tyr	Ser	Asp	Ile	Glu	Pro	Ser	Thr	Glu	Gly	Glu	Val	Ile	Phe	Arg

195	200	205
Ala Leu Asp Pro Ala Phe Lys Ile Glu Asp Pro Tyr Ser Pro Arg Ile		
210	215	220
Gln Asn Leu Leu Lys Ile Thr Asn Leu Arg Ile Lys Phe Val Lys Leu		
225	230	235
His Thr Leu Gly Asp Asn Leu Leu Asp Ser Arg Met Glu Ile Arg Glu		
245	250	255
Lys Tyr Tyr Tyr Ala Val Tyr Asp Met Val Val Arg Gly Asn Cys Phe		
260	265	270
Cys Tyr Gly His Ala Ser Glu Cys Ala Pro Val Asp Gly Phe Asn Glu		
275	280	285
Glu Val Glu Gly Met Val His Gly His Cys Met Cys Arg His Asn Thr		
290	295	300
Lys Gly Leu Asn Cys Glu Leu Cys Met Asp Phe Tyr His Asp Leu Pro		
305	310	315
Trp Arg Pro Ala Glu Gly Arg Asn Ser Asn Ala Cys Lys Lys Cys Asn		
325	330	335
Cys Asn Glu His Ser Ile Ser Cys His Phe Asp Met Ala Val Tyr Leu		
340	345	350
Ala Thr Gly Asn Val Ser Gly Gly Val Cys Asp Asp Cys Gln His Asn		
355	360	365
Thr Met Gly Arg Asn Cys Glu Gln Cys Lys Pro Phe Tyr Tyr Gln His		
370	375	380
Pro Glu Arg Asp Ile Arg Asp Pro Asn Phe Cys Glu Arg Cys Thr Cys		
385	390	395
Asp Pro Ala Gly Ser Gln Asn Glu Gly Ile Cys Asp Ser Tyr Thr Asp		
405	410	415
Phe Ser Thr Gly Leu Ile Ala Gly Gln Cys Arg Cys Lys Leu Asn Val		
420	425	430

Glu Gly Glu His Cys Asp Val Cys Lys Glu Gly Phe Tyr Asp Leu Ser
 435 440 445
 Ser Glu Asp Pro Phe Gly Cys Lys Ser Cys Ala Cys Asn Pro Leu Gly
 450 455 460
 Thr Ile Pro Gly Gly Asn Pro Cys Asp Ser Glu Thr Gly His Cys Tyr
 465 470 475 480
 Cys Lys Arg Leu Val Thr Gly Gln His Cys Asp Gln Cys Leu Pro Glu
 485 490 495
 His Trp Gly Leu Ser Asn Asp Leu Asp Gly Cys Arg Pro Cys Asp Cys
 500 505 510
 Asp Leu Gly Gly Ala Leu Asn Asn Ser Cys Phe Ala Glu Ser Gly Gln
 515 520 525
 Cys Ser Cys Arg Pro His Met Ile Gly Arg Gln Cys Asn Glu Val Glu
 530 535 540
 Pro Gly Tyr Tyr Phe Ala Thr Leu Asp His Tyr Leu Tyr Glu Ala Glu
 545 550 555 560
 Glu Ala Asn Leu Gly Pro Gly Val Ser Ile Val Glu Arg Gln Tyr Ile
 565 570 575
 Gln Asp Arg Ile Pro Ser Trp Thr Gly Ala Gly Phe Val Arg Val Pro
 580 585 590
 Glu Gly Ala Tyr Leu Glu Phe Phe Ile Asp Asn Ile Pro Tyr Ser Met
 595 600 605
 Glu Tyr Asp Ile Leu Ile Arg Tyr Glu Pro Gln Leu Pro Asp His Trp
 610 615 620
 Glu Lys Ala Val Ile Thr Val Gln Arg Pro Gly Arg Ile Pro Thr Ser
 625 630 635 640
 Ser Arg Cys Gly Asn Thr Ile Pro Asp Asp Asp Asn Gln Val Val Ser
 645 650 655
 Leu Ser Pro Gly Ser Arg Tyr Val Val Leu Pro Arg Pro Val Cys Phe

660	665	670	
Glu Lys Gly Thr Asn Tyr Thr Val Arg Leu Glu Leu Pro Gln Tyr Thr			
675	680	685	
Ser Ser Asp Ser Asp Val Glu Ser Pro Tyr Thr Leu Ile Asp Ser Leu			
690	695	700	
Val Leu Met Pro Tyr Cys Lys Ser Leu Asp Ile Phe Thr Val Gly Gly			
705	710	715	720
Ser Gly Asp Gly Val Val Thr Asn Ser Ala Trp Glu Thr Phe Gln Arg			
725	730	735	
Tyr Arg Cys Leu Glu Asn Ser Arg Ser Val Val Lys Thr Pro Met Thr			
740	745	750	
Asp Val Cys Arg Asn Ile Ile Phe Ser Ile Ser Ala Leu Leu His Gln			
755	760	765	
Thr Gly Leu Ala Cys Glu Cys Asp Pro Gln Gly Ser Leu Ser Ser Val			
770	775	780	
Cys Asp Pro Asn Gly Gly Gln Cys Gln Cys Arg Pro Asn Val Val Gly			
785	790	795	800
Arg Thr Cys Asn Arg Cys Ala Pro Gly Thr Phe Gly Phe Gly Pro Ser			
805	810	815	
Gly Cys Lys Pro Cys Glu Cys His Leu Gln Gly Ser Val Asn Ala Phe			
820	825	830	
Cys Asn Pro Val Thr Gly Gln Cys His Cys Phe Gln Gly Val Tyr Ala			
835	840	845	
Arg Gln Cys Asp Arg Cys Leu Pro Gly His Trp Gly Phe Pro Ser Cys			
850	855	860	
Gln Pro Cys Gln Cys Asn Gly His Ala Asp Asp Cys Asp Pro Val Thr			
865	870	875	880
Gly Glu Cys Leu Asn Cys Gln Asp Tyr Thr Met Gly His Asn Cys Glu			
885	890	895	

Arg Cys Leu Ala Gly Tyr Tyr Gly Asp Pro Ile Ile Gly Ser Gly Asp
 900 905 910
 His Cys Arg Pro Cys Pro Cys Pro Asp Gly Pro Asp Ser Gly Arg Gln
 915 920 925
 Phe Ala Arg Ser Cys Tyr Gln Asp Pro Val Thr Leu Gln Leu Ala Cys
 930 935 940
 Val Cys Asp Pro Gly Tyr Ile Gly Ser Arg Cys Asp Asp Cys Ala Ser
 945 950 955 960
 Gly Tyr Phe Gly Asn Pro Ser Glu Val Gly Gly Ser Cys Gln Pro Cys
 965 970 975
 Gln Cys His Asn Asn Ile Asp Thr Thr Asp Pro Glu Ala Cys Asp Lys
 980 985 990
 Glu Thr Gly Arg Cys Leu Lys Cys Leu Tyr His Thr Glu Gly Glu His
 995 1000 1005
 Cys Gln Phe Cys Arg Phe Gly Tyr Tyr Gly Asp Ala Leu Arg Gln Asp
 1010 1015 1020
 Cys Arg Lys Cys Val Cys Asn Tyr Leu Gly Thr Val Gln Glu His Cys
 1025 1030 1035 1040
 Asn Gly Ser Asp Cys Gln Cys Asp Lys Ala Thr Gly Gln Cys Leu Cys
 1045 1050 1055
 Leu Pro Asn Val Ile Gly Gln Asn Cys Asp Arg Cys Ala Pro Asn Thr
 1060 1065 1070
 Trp Gln Leu Ala Ser Gly Thr Gly Cys Asp Pro Cys Asn Cys Asn Ala
 1075 1080 1085
 Ala His Ser Phe Gly Pro Ser Cys Asn Glu Phe Thr Gly Gln Cys Gln
 1090 1095 1100
 Cys Met Pro Gly Phe Gly Gly Arg Thr Cys Ser Glu Cys Gln Glu Leu
 1105 1110 1115 1120
 Phe Trp Gly Asp Pro Asp Val Glu Cys Arg Ala Cys Asp Cys Asp Pro

1125	1130	1135
Arg Gly Ile Glu Thr Pro Gln Cys Asp Gln Ser Thr Gly Gln Cys Val		
1140	1145	1150
Cys Val Glu Gly Val Glu Gly Pro Arg Cys Asp Lys Cys Thr Arg Gly		
1155	1160	1165
Tyr Ser Gly Val Phe Pro Asp Cys Thr Pro Cys His Gln Cys Phe Ala		
1170	1175	1180
Leu Trp Asp Val Ile Ile Ala Glu Leu Thr Asn Arg Thr His Arg Phe		
1185	1190	1195
Leu Glu Lys Ala Lys Ala Leu Lys Ile Ser Gly Val Ile Gly Pro Tyr		
1205	1210	1215
Arg Glu Thr Val Asp Ser Val Glu Arg Lys Val Ser Glu Ile Lys Asp		
1220	1225	1230
Ile Leu Ala Gln Ser Pro Ala Ala Glu Pro Leu Lys Asn Ile Gly Asn		
1235	1240	1245
Leu Phe Glu Glu Ala Glu Lys Leu Ile Lys Asp Val Thr Glu Met Met		
1250	1255	1260
Ala Gln Val Glu Val Lys Leu Ser Asp Thr Thr Ser Gln Ser Asn Ser		
1265	1270	1275
Thr Ala Lys Glu Leu Asp Ser Leu Gln Thr Glu Ala Glu Ser Leu Asp		
1285	1290	1295
Asn Thr Val Lys Glu Leu Ala Glu Gln Leu Glu Phe Ile Lys Asn Ser		
1300	1305	1310
Asp Ile Arg Gly Ala Leu Asp Ser Ile Thr Lys Tyr Phe Gln Met Ser		
1315	1320	1325
Leu Glu Ala Glu Glu Arg Val Asn Ala Ser Thr Thr Glu Pro Asn Ser		
1330	1335	1340
Thr Val Glu Gln Ser Ala Leu Met Arg Asp Arg Val Glu Asp Val Met		
1345	1350	1355
1360		

Met Glu Arg Glu Ser Gln Phe Lys Glu Lys Gln Glu Glu Gln Ala Arg
 1365 1370 1375
 Leu Leu Asp Glu Leu Ala Gly Lys Leu Gln Ser Leu Asp Leu Ser Ala
 1380 1385 1390
 Ala Ala Glu Met Thr Cys Gly Thr Pro Pro Gly Ala Ser Cys Ser Glu
 1395 1400 1405
 Thr Glu Cys Gly Gly Pro Asn Cys Arg Thr Asp Glu Gly Glu Arg Lys
 1410 1415 1420
 Cys Gly Gly Pro Gly Cys Gly Gly Leu Val Thr Val Ala His Asn Ala
 1425 1430 1435 1440
 Trp Gln Lys Ala Met Asp Leu Asp Gln Asp Val Leu Ser Ala Leu Ala
 1445 1450 1455
 Glu Val Glu Gln Leu Ser Lys Met Val Ser Glu Ala Lys Leu Arg Ala
 1460 1465 1470
 Asp Glu Ala Lys Gln Ser Ala Glu Asp Ile Leu Leu Lys Thr Asn Ala
 1475 1480 1485
 Thr Lys Glu Lys Met Asp Lys Ser Asn Glu Glu Leu Arg Asn Leu Ile
 1490 1495 1500
 Lys Gln Ile Arg Asn Phe Leu Thr Gln Asp Ser Ala Asp Leu Asp Ser
 1505 1510 1515 1520
 Ile Glu Ala Val Ala Asn Glu Val Leu Lys Met Glu Met Pro Ser Thr
 1525 1530 1535
 Pro Gln Gln Leu Gln Asn Leu Thr Glu Asp Ile Arg Glu Arg Val Glu
 1540 1545 1550
 Ser Leu Ser Gln Val Glu Val Ile Leu Gln His Ser Ala Ala Asp Ile
 1555 1560 1565
 Ala Arg Ala Glu Met Leu Leu Glu Glu Ala Lys Arg Ala Ser Lys Ser
 1570 1575 1580
 Ala Thr Asp Val Lys Val Thr Ala Asp Met Val Lys Glu Ala Leu Glu

1585	1590	1595	1600
Glu Ala Glu Lys Ala Gln Val Ala Ala Glu Lys Ala Ile Lys Gln Ala			
	1605	1610	1615
Asp Glu Asp Ile Gln Gly Thr Gln Asn Leu Leu Thr Ser Ile Glu Ser			
	1620	1625	1630
Glu Thr Ala Ala Ser Glu Glu Thr Leu Phe Asn Ala Ser Gln Arg Ile			
	1635	1640	1645
Ser Glu Leu Glu Arg Asn Val Glu Glu Leu Lys Arg Lys Ala Ala Gln			
	1650	1655	1660
Asn Ser Gly Glu Ala Glu Tyr Ile Glu Lys Val Val Tyr Thr Val Lys			
1665	1670	1675	1680
Gln Ser Ala Glu Asp Val Lys Lys Thr Leu Asp Gly Glu Leu Asp Glu			
	1685	1690	1695
Lys Tyr Lys Lys Val Glu Asn Leu Ile Ala Lys Lys Thr Glu Glu Ser			
	1700	1705	1710
Ala Asp Ala Arg Arg Lys Ala Glu Met Leu Gln Asn Glu Ala Lys Thr			
	1715	1720	1725
Leu Leu Ala Gln Ala Asn Ser Lys Leu Gln Leu Leu Lys Asp Leu Glu			
	1730	1735	1740
Arg Lys Tyr Glu Asp Asn Gln Arg Tyr Leu Glu Asp Lys Ala Gln Glu			
1745	1750	1755	1760
Leu Ala Arg Leu Glu Gly Glu Val Arg Ser Leu Leu Lys Asp Ile Ser			
	1765	1770	1775
Gln Lys Val Ala Val Tyr Ser Thr Cys Leu			
	1780	1785	

【 0 4 0 2 】

<210> 77

<211> 585

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (27)..(335)

<400> 77

ctgagactga cclgcaggac gaaacc atg aag agc ctg atc ctt ctt gcc atc 53

Met Lys Ser Leu Ile Leu Leu Ala Ile

1

5

ctg gcc gcc tta gcg gta gta act ttg tgt tat gaa tca cat gaa agc 101

Leu Ala Ala Leu Ala Val Val Thr Leu Cys Tyr Glu Ser His Glu Ser

10

15

20

25

atg gaa tct tat gaa ctt aat ccc ttc att aac agg aga aat gca aat 149

Met Glu Ser Tyr Glu Leu Asn Pro Phe Ile Asn Arg Arg Asn Ala Asn

30

35

40

acc ttc ata tcc cct cag cag aga tgg aga gct aaa gtc caa gag agg 197

Thr Phe Ile Ser Pro Gln Gln Arg Trp Arg Ala Lys Val Gln Glu Arg

45

50

55

atc cga gaa cgc tct aag cct gtc cac gag ctc aat agg gaa gcc tgt 245

Ile Arg Glu Arg Ser Lys Pro Val His Glu Leu Asn Arg Glu Ala Cys

60

65

70

gat gac tac aga ctt tgc gaa cgc tac gcc atg gtt tat gga tac aat 293

Asp Asp Tyr Arg Leu Cys Glu Arg Tyr Ala Met Val Tyr Gly Tyr Asn

75

80

85

gct gcc tat aat cgc tac ttc agg aag cgc cga ggg acc aaa 335

Ala Ala Tyr Asn Arg Tyr Phe Arg Lys Arg Arg Gly Thr Lys

90

95

100

tgagactgag ggaagaaaaa aaatctcttt tttctggag gctggcacct gattttgtat 395

ccccctgtag cagcattact gaaatacata ggcttatata caatgcttct ttcctgtata 455

ttctcttgtc tggctgcacc cttttttccc gccccagat tgataagtaa tgaaagtga 515

ctgcagtgag ggtcaaagga gagtcaacat atgtgattgt tccataataa acttctggtg 575
tgatactttc 585

【 0 4 0 3 】

<210> 78

<211> 103

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 78

Met Lys Ser Leu Ile Leu Leu Ala Ile Leu Ala Ala Leu Ala Val Val
1 5 10 15
Thr Leu Cys Tyr Glu Ser His Glu Ser Met Glu Ser Tyr Glu Leu Asn
20 25 30
Pro Phe Ile Asn Arg Arg Asn Ala Asn Thr Phe Ile Ser Pro Gln Gln
35 40 45
Arg Trp Arg Ala Lys Val Gln Glu Arg Ile Arg Glu Arg Ser Lys Pro
50 55 60
Val His Glu Leu Asn Arg Glu Ala Cys Asp Asp Tyr Arg Leu Cys Glu
65 70 75 80
Arg Tyr Ala Met Val Tyr Gly Tyr Asn Ala Ala Tyr Asn Arg Tyr Phe
85 90 95
Arg Lys Arg Arg Gly Thr Lys
100

【 0 4 0 4 】

<210> 79

<211> 1775

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (6)..(1148)

<400> 79

cagca atg cat ctc ctt gcg att ctg ttt tgt gct ctc tgg tct gca gtg 50

Met His Leu Leu Ala Ile Leu Phe Cys Ala Leu Trp Ser Ala Val

1 5 10 15

tig gcc gag aat tgg gat gat tat gat ctc atg tat gtg aat tig gac 98

Leu Ala Glu Asn Ser Asp Asp Tyr Asp Leu Met Tyr Val Asn Leu Asp

20 25 30

aac gaa ata gac aat gga ctc cat ccc act gag gac ccc acg ccg tgc 146

Asn Glu Ile Asp Asn Gly Leu His Pro Thr Glu Asp Pro Thr Pro Cys

35 40 45

gcc tgc ggt cag gag cac tcg gaa tgg gac aag ctc ttc atc atg ctg 194

Ala Cys Gly Gln Glu His Ser Glu Trp Asp Lys Leu Phe Ile Met Leu

50 55 60

gag aac tcg cag atg aga gag cgc atg ctg ctg caa gcc acg gac gac 242

Glu Asn Ser Gln Met Arg Glu Arg Met Leu Leu Gln Ala Thr Asp Asp

65 70 75

gtc ctg cgg ggc gag ctg cag agg ctg cgg gag gag ctg ggc cgg ctc 290

Val Leu Arg Gly Glu Leu Gln Arg Leu Arg Glu Glu Leu Gly Arg Leu

80 85 90 95

gcg gaa agc ctg gcg agg ccg tgc gcg ccg ggg gct ccc gca gag gcc 338

Ala Glu Ser Leu Ala Arg Pro Cys Ala Pro Gly Ala Pro Ala Glu Ala

100 105 110

agg ctg acc agt gct ctg gac gag ctg ctg cag gcg acc cgc gac gcg 386

Arg Leu Thr Ser Ala Leu Asp Glu Leu Leu Gln Ala Thr Arg Asp Ala

115 120 125

ggc cgc agg ctg gcg cgt atg gag ggc gcg gag gcg cag cgc cca gag 434

Gly Arg Arg Leu Ala Arg Met Glu Gly Ala Glu Ala Gln Arg Pro Glu

130 135 140

gag gcg ggg cgc gcc ctg gcc gcg gtg cta gag gag ctg cgg cag acg	482
Glu Ala Gly Arg Ala Leu Ala Ala Val Leu Glu Glu Leu Arg Gln Thr	
145 150 155	
cga gcc gac ctg cac gcg gtg cag ggc tgg gct gcc cgg agc tgg ctg	530
Arg Ala Asp Leu His Ala Val Gln Gly Trp Ala Ala Arg Ser Trp Leu	
160 165 170 175	
ccg gca ggt tgt gaa aca gct att tta ttc cca atg cgt tcc aag aag	578
Pro Ala Gly Cys Glu Thr Ala Ile Leu Phe Pro Met Arg Ser Lys Lys	
180 185 190	
att ttt gga agc gtg cat cca gtg aga cca atg agg ctt gag tct ttt	626
Ile Phe Gly Ser Val His Pro Val Arg Pro Met Arg Leu Glu Ser Phe	
195 200 205	
agt gcc tgc att tgg gtc aaa gcc aca gat gta tta aac aaa acc atc	674
Ser Ala Cys Ile Trp Val Lys Ala Thr Asp Val Leu Asn Lys Thr Ile	
210 215 220	
ctg ttt tcc tat ggc aca aag agg aat cca tat gaa atc cag ctg tat	722
Leu Phe Ser Tyr Gly Thr Lys Arg Asn Pro Tyr Glu Ile Gln Leu Tyr	
225 230 235	
ctc agc tac caa tcc ata gtg ttt gtg gtg ggt gga gag gag aac aaa	770
Leu Ser Tyr Gln Ser Ile Val Phe Val Val Gly Gly Glu Glu Asn Lys	
240 245 250 255	
ctg gtt gct gaa gcc atg gtt tcc ctg gga agg tgg acc cac ctg tgc	818
Leu Val Ala Glu Ala Met Val Ser Leu Gly Arg Trp Thr His Leu Cys	
260 265 270	
ggc acc tgg aat tca gag gaa ggg ctc aca tcc ttg tgg gta aat ggt	866
Gly Thr Trp Asn Ser Glu Glu Gly Leu Thr Ser Leu Trp Val Asn Gly	
275 280 285	
gaa ctg gcg gct acc act gtt gag atg gcc aca ggt cac att gtt cct	914
Glu Leu Ala Ala Thr Thr Val Glu Met Ala Thr Gly His Ile Val Pro	

290	295	300	
gag gga gga atc ctg cag att ggc caa gaa aag aat ggc tgc tgt gtg			962
Glu Gly Gly Ile Leu Gln Ile Gly Gln Glu Lys Asn Gly Cys Cys Val			
305	310	315	
ggg ggt ggc ttt gat gaa aca tta gcc ttc tct ggg aga ctc aca ggc			1010
Gly Gly Gly Phe Asp Glu Thr Leu Ala Phe Ser Gly Arg Leu Thr Gly			
320	325	330	335
ttc aat atc tgg gat agt gtt ctt agc aat gaa gag ata aga gag acc			1058
Phe Asn Ile Trp Asp Ser Val Leu Ser Asn Glu Glu Ile Arg Glu Thr			
340	345	350	
gga gga gca gag tct tgt cac atc cgg ggg aat att gtt ggg tgg gga			1106
Gly Gly Ala Glu Ser Cys His Ile Arg Gly Asn Ile Val Gly Trp Gly			
355	360	365	
gtc aca gag atc cag cca cat gga gga gct cag tat gtt tca			1148
Val Thr Glu Ile Gln Pro His Gly Gly Ala Gln Tyr Val Ser			
370	375	380	
taaagtgtgt gaaactccac ttgaagccaa agaaagaaac tcacacttaa aacacatgcc			1208
agttgggaag gtctgaaaac tcagtgcata ataggaacac ttgagactaa tgaaagagag			1268
agttgagacc aatctttatt tgtactggcc aaatactgaa taaacagttg aaggaaagac			1328
attggaaaaa gcttttgagg ataatgttac tagactttat gccatgggtgc tttcagttta			1388
atgctgtgtc tctgtcagat aaactctcaa ataattaaaa aggactgtat tgttgaacag			1448
agggacaatt gttttacttt tctttggtta attttgttt ggccagagat gaattttaca			1508
ttggaagaat aacaaaataa gatttgttgt ccattgttca ttgttattgg tatgtacctt			1568
attacaaaaa aaatgatgaa aacatattta tactacaagg tgacttaaca actataaatg			1628
tagtttatgt gttataatcg aatgtcacgt ttttgagaag atagtcatat aagttatatt			1688
gcaaaaggga tttgtattaa ttttaagacta tttttgtaaa gctctactgt aaataaaaata			1748
ttttataaaa ctaaaaaaaaa aaaaaaa			1775

【 0 4 0 5 】

<210> 80

<211> 381

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 80

Met His Leu Leu Ala Ile Leu Phe Cys Ala Leu Trp Ser Ala Val Leu

1 5 10 15

Ala Glu Asn Ser Asp Asp Tyr Asp Leu Met Tyr Val Asn Leu Asp Asn

20 25 30

Glu Ile Asp Asn Gly Leu His Pro Thr Glu Asp Pro Thr Pro Cys Ala

35 40 45

Cys Gly Gln Glu His Ser Glu Trp Asp Lys Leu Phe Ile Met Leu Glu

50 55 60

Asn Ser Gln Met Arg Glu Arg Met Leu Leu Gln Ala Thr Asp Asp Val

65 70 75 80

Leu Arg Gly Glu Leu Gln Arg Leu Arg Glu Glu Leu Gly Arg Leu Ala

85 90 95

Glu Ser Leu Ala Arg Pro Cys Ala Pro Gly Ala Pro Ala Glu Ala Arg

100 105 110

Leu Thr Ser Ala Leu Asp Glu Leu Leu Gln Ala Thr Arg Asp Ala Gly

115 120 125

Arg Arg Leu Ala Arg Met Glu Gly Ala Glu Ala Gln Arg Pro Glu Glu

130 135 140

Ala Gly Arg Ala Leu Ala Ala Val Leu Glu Glu Leu Arg Gln Thr Arg

145 150 155 160

Ala Asp Leu His Ala Val Gln Gly Trp Ala Ala Arg Ser Trp Leu Pro

165 170 175

Ala Gly Cys Glu Thr Ala Ile Leu Phe Pro Met Arg Ser Lys Lys Ile

180 185 190

Phe Gly Ser Val His Pro Val Arg Pro Met Arg Leu Glu Ser Phe Ser

195	200	205
Ala Cys Ile Trp Val Lys Ala Thr Asp Val Leu Asn Lys Thr Ile Leu		
210	215	220
Phe Ser Tyr Gly Thr Lys Arg Asn Pro Tyr Glu Ile Gln Leu Tyr Leu		
225	230	235
Ser Tyr Gln Ser Ile Val Phe Val Val Gly Gly Glu Glu Asn Lys Leu		
245	250	255
Val Ala Glu Ala Met Val Ser Leu Gly Arg Trp Thr His Leu Cys Gly		
260	265	270
Thr Trp Asn Ser Glu Glu Gly Leu Thr Ser Leu Trp Val Asn Gly Glu		
275	280	285
Leu Ala Ala Thr Thr Val Glu Met Ala Thr Gly His Ile Val Pro Glu		
290	295	300
Gly Gly Ile Leu Gln Ile Gly Gln Glu Lys Asn Gly Cys Cys Val Gly		
305	310	315
Gly Gly Phe Asp Glu Thr Leu Ala Phe Ser Gly Arg Leu Thr Gly Phe		
325	330	335
Asn Ile Trp Asp Ser Val Leu Ser Asn Glu Glu Ile Arg Glu Thr Gly		
340	345	350
Gly Ala Glu Ser Cys His Ile Arg Gly Asn Ile Val Gly Trp Gly Val		
355	360	365
Thr Glu Ile Gln Pro His Gly Gly Ala Gln Tyr Val Ser		
370	375	380

【 0 4 0 6 】

<210> 81

<211> 2312

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (146)..(1192)

<400> 81

tccagtgcgc gagccgcccgc gccgacagcc ccgagacgac agcccggcgc gtcccgggtcc 60
ccaccccccgc ccaccccccgc ccaccccccgc ccaccccccgc ccaccccccgc ccaccccccgc 120
ctccgctccg cccgcagtcg caacc atg acc gcc gcc agt atg ggc ccc gtc 172

Met Thr Ala Ala Ser Met Gly Pro Val

1

5

cgc gtc gcc ttc gtg gtc ctc ctc gcc ctc tgc agc cgg ccg gcc gtc 220
Arg Val Ala Phe Val Val Leu Leu Ala Leu Cys Ser Arg Pro Ala Val

10

15

20

25

ggc cag aac tgc agc ggg ccg tgc cgg tgc ccg gac gag ccg gcg ccg 268
Gly Gln Asn Cys Ser Gly Pro Cys Arg Cys Pro Asp Glu Pro Ala Pro

30

35

40

cgc tgc ccg gcg ggc gtg agc ctc gtg ctg gac ggc tgc ggc tgc tgc 316
Arg Cys Pro Ala Gly Val Ser Leu Val Leu Asp Gly Cys Gly Cys Cys

45

50

55

cgc gtc tgc gcc aag cag ctg ggc gag ctg tgc acc gag cgc gac ccc 364
Arg Val Cys Ala Lys Gln Leu Gly Glu Leu Cys Thr Glu Arg Asp Pro

60

65

70

tgc gac ccg cac aag ggc ctc ttc tgt gac ttc ggc tcc ccg gcc aac 412
Cys Asp Pro His Lys Gly Leu Phe Cys Asp Phe Gly Ser Pro Ala Asn

75

80

85

cgc aag atc ggc gtg tgc acc gcc aaa gat ggt gct ccc tgc atc ttc 460
Arg Lys Ile Gly Val Cys Thr Ala Lys Asp Gly Ala Pro Cys Ile Phe

90

95

100

105

ggt ggt acg gtg tac cgc agc gga gag tcc ttc cag agc agc tgc aag 508
Gly Gly Thr Val Tyr Arg Ser Gly Glu Ser Phe Gln Ser Ser Cys Lys

110

115

120

tac cag tgc acg tgc ctg gac ggg gcg gtg ggc tgc atg ccc ctg tgc	556
Tyr Gln Cys Thr Cys Leu Asp Gly Ala Val Gly Cys Met Pro Leu Cys	
125 130 135	
agc atg gac gtt cgt ctg ccc agc cct gac tgc ccc ttc ccg agg agg	604
Ser Met Asp Val Arg Leu Pro Ser Pro Asp Cys Pro Phe Pro Arg Arg	
140 145 150	
gtc aag ctg ccc ggg aaa tgc tgc gag gag tgg gtg tgt gac gag ccc	652
Val Lys Leu Pro Gly Lys Cys Cys Glu Glu Trp Val Cys Asp Glu Pro	
155 160 165	
aag gac caa acc gtg gtt ggg cct gcc ctc gcg gct tac cga ctg gaa	700
Lys Asp Gln Thr Val Val Gly Pro Ala Leu Ala Ala Tyr Arg Leu Glu	
170 175 180 185	
gac acg ttt ggc cca gac cca act atg att aga gcc aac tgc ctg gtc	748
Asp Thr Phe Gly Pro Asp Pro Thr Met Ile Arg Ala Asn Cys Leu Val	
190 195 200	
cag acc aca gag tgg agc gcc tgt tcc aag acc tgt ggg atg ggc atc	796
Gln Thr Thr Glu Trp Ser Ala Cys Ser Lys Thr Cys Gly Met Gly Ile	
205 210 215	
tcc acc cgg gtt acc aat gac aac gcc tcc tgc agg cta gag aag cag	844
Ser Thr Arg Val Thr Asn Asp Asn Ala Ser Cys Arg Leu Glu Lys Gln	
220 225 230	
agc cgc ctg tgc atg gtc agg cct tgc gaa gct gac ctg gaa gag aac	892
Ser Arg Leu Cys Met Val Arg Pro Cys Glu Ala Asp Leu Glu Glu Asn	
235 240 245	
att aag aag ggc aaa aag tgc atc cgt act ccc aaa atc tcc aag cct	940
Ile Lys Lys Gly Lys Lys Cys Ile Arg Thr Pro Lys Ile Ser Lys Pro	
250 255 260 265	
atc aag ttt gag ctt tct ggc tgc acc agc atg aag aca tac cga gct	988
Ile Lys Phe Glu Leu Ser Gly Cys Thr Ser Met Lys Thr Tyr Arg Ala	

270	275	280	
aaa ttc tgt gga gta tgt acc gac ggc cga tgc tgc acc ccc cac aga			1036
Lys Phe Cys Gly Val Cys Thr Asp Gly Arg Cys Cys Thr Pro His Arg			
285	290	295	
ccc acc acc ccc ctg ccg atg gag ttc gag tgc cct gac ggc gag gtc atg			1044
Thr Thr Thr Leu Pro Val Glu Phe Lys Cys Pro Asp Gly Glu Val Met			
300	305	310	
aag aag aac atg atg ttc atc aag acc tgt gcc tgc cat tac aac tgt			1132
Lys Lys Asn Met Met Phe Ile Lys Thr Cys Ala Cys His Tyr Asn Cys			
315	320	325	
ccc gga gac aat gac atc ttt gaa tcg ctg tac tac agg aag atg tac			1180
Pro Gly Asp Asn Asp Ile Phe Glu Ser Leu Tyr Tyr Arg Lys Met Tyr			
330	335	340	345
gga gac atg gca tgaagccaga gagtgagaga cattaactca ttagactgga			1232
Gly Asp Met Ala			
acttgaactg attcacatct catTTTTccg taaaaatgat ttcagtagca caagttatTT			1292
aaatctgtTT ttctaactgg gggaaaagat tcccacccaa ttcaaaacat tgtgccatgt			1352
caaacaaata gtctatcttc ccagacact ggTTtgaaga atgttaagac ttgacagtgg			1412
aactacatta gtacacagca ccagaatgta tattaaggTg tggctTTtagg agcagtggga			1472
gggtaccagc agaaaggTTa gtatcatcag atagctctta tacgagtaat atgcctgcta			1532
TTtgaagtgt aattgagaag gaaaattTTa gcgtgctcac tgacctgcct gtagccccag			1592
tgacagctag gatgtgcatt ctccagccat caagagactg agtcaagTTg ttccttaagt			1652
cagaacagca gactcagctc tgacattctg attcgaatga cactgttcag gaatcggaat			1712
ccgtctgatt agactggaca gcttTggca agtgaatttc ctgtaacaag ccagattTTT			1772
taaaatttat attgtaaata ttgtgtgtgt gtgtgtgtgt gtatatatat atatatatgt			1832
acagttatct aagttaattt aaagttgttt gtgcctTTTT atTTTgttt ttaatgcttt			1892
gatatttcaa tgttagcctc aatttctgaa caccataggt agaatgtaaa gcttgtctga			1952
tcgttcaaag catgaaatgg atacttatat ggaaattctc tcagatagaa tgacagtccg			2012
tcaaaacaga ttgtttgcaa agggggaggca tcagtgtcct tggcaggctg atttctaggt			2072

aggaaatgtg gtagctcacg ctactttta atgaacaaat ggcctttatt aaaaactgag 2132
 tgactctata tagctgatca gttttttcac ctggaagcat ttgtttctac tttgatatga 2192
 ctgtttttcg gacagtttat ttgttgagag tgtgaccaaa agttacatgt ttgcaccttt 2252
 ctagttagaa ataaagtata ttttttctaa aaaaaaaaaa aaacgacagc aacggaattc 2312

【 0 4 0 7 】

<210> 82

<211> 349

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 82

Met	Thr	Ala	Ala	Ser	Met	Gly	Pro	Val	Arg	Val	Ala	Phe	Val	Val	Leu
1				5					10					15	
Leu	Ala	Leu	Cys	Ser	Arg	Pro	Ala	Val	Gly	Gln	Asn	Cys	Ser	Gly	Pro
				20					25					30	
Cys	Arg	Cys	Pro	Asp	Glu	Pro	Ala	Pro	Arg	Cys	Pro	Ala	Gly	Val	Ser
				35					40					45	
Leu	Val	Leu	Asp	Gly	Cys	Gly	Cys	Cys	Arg	Val	Cys	Ala	Lys	Gln	Leu
				50					55					60	
Gly	Glu	Leu	Cys	Thr	Glu	Arg	Asp	Pro	Cys	Asp	Pro	His	Lys	Gly	Leu
				65					70					75	
Phe	Cys	Asp	Phe	Gly	Ser	Pro	Ala	Asn	Arg	Lys	Ile	Gly	Val	Cys	Thr
				85					90					95	
Ala	Lys	Asp	Gly	Ala	Pro	Cys	Ile	Phe	Gly	Gly	Thr	Val	Tyr	Arg	Ser
				100					105					110	
Gly	Glu	Ser	Phe	Gln	Ser	Ser	Cys	Lys	Tyr	Gln	Cys	Thr	Cys	Leu	Asp
				115					120					125	
Gly	Ala	Val	Gly	Cys	Met	Pro	Leu	Cys	Ser	Met	Asp	Val	Arg	Leu	Pro
				130					135					140	
Ser	Pro	Asp	Cys	Pro	Phe	Pro	Arg	Arg	Val	Lys	Leu	Pro	Gly	Lys	Cys

145	150	155	160
Cys Glu Glu Trp Val Cys Asp Glu Pro Lys Asp Gln Thr Val Val Gly			
165	170	175	
Pro Ala Leu Ala Ala Tyr Arg Leu Glu Asp Thr Phe Gly Pro Asp Pro			
180	185	190	
Thr Met Ile Arg Ala Asn Cys Leu Val Gln Thr Thr Glu Trp Ser Ala			
195	200	205	
Cys Ser Lys Thr Cys Gly Met Gly Ile Ser Thr Arg Val Thr Asn Asp			
210	215	220	
Asn Ala Ser Cys Arg Leu Glu Lys Gln Ser Arg Leu Cys Met Val Arg			
225	230	235	240
Pro Cys Glu Ala Asp Leu Glu Glu Asn Ile Lys Lys Gly Lys Lys Cys			
245	250	255	
Ile Arg Thr Pro Lys Ile Ser Lys Pro Ile Lys Phe Glu Leu Ser Gly			
260	265	270	
Cys Thr Ser Met Lys Thr Tyr Arg Ala Lys Phe Cys Gly Val Cys Thr			
275	280	285	
Asp Gly Arg Cys Cys Thr Pro His Arg Thr Thr Thr Leu Pro Val Glu			
290	295	300	
Phe Lys Cys Pro Asp Gly Glu Val Met Lys Lys Asn Met Met Phe Ile			
305	310	315	320
Lys Thr Cys Ala Cys His Tyr Asn Cys Pro Gly Asp Asn Asp Ile Phe			
325	330	335	
Glu Ser Leu Tyr Tyr Arg Lys Met Tyr Gly Asp Met Ala			

【 0 4 0 8 】

<210> 83

<211> 2954

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (173)..(1525)

<400> 83

gaaattcccaaa acgtgcacag gggagtgagg gCagggCgCl CgCagggggC acgCagggag 60
ggcccagggc gccagggagg ccgCgccggg ctaatccgaa ggggctgcga ggtcaggctg 120
taaccgggtc aatgtgtgga atattggggg gctcggctgc agacttggcc aa atg gac 178

Met Asp

1

ggg act att aag gag gct ctg tcg gtg gtg agc gac gac cag tcc ctc 226

Gly Thr Ile Lys Glu Ala Leu Ser Val Val Ser Asp Asp Gln Ser Leu

5

10

15

ttt gac tca gcg tac gga gcg gca gcc cat ctc ccc aag gcc gac atg 274

Phe Asp Ser Ala Tyr Gly Ala Ala Ala His Leu Pro Lys Ala Asp Met

20

25

30

act gcc tcg ggg agt cct gac tac ggg cag ccc cac aag atc aac ccc 322

Thr Ala Ser Gly Ser Pro Asp Tyr Gly Gln Pro His Lys Ile Asn Pro

35

40

45

50

ctc cca cca cag cag gag tgg atc aat cag cca gtg agg gtc aac gtc 370

Leu Pro Pro Gln Gln Glu Trp Ile Asn Gln Pro Val Arg Val Asn Val

55

60

65

aag cgg gag tat gac cac atg aat gga tcc agg gag tct ccg gtg gac 418

Lys Arg Glu Tyr Asp His Met Asn Gly Ser Arg Glu Ser Pro Val Asp

70

75

80

tgc agc gtt agc aaa tgc agc aag ctg gtg ggc gga ggc gag tcc aac 466

Cys Ser Val Ser Lys Cys Ser Lys Leu Val Gly Gly Gly Glu Ser Asn

85

90

95

ccc atg aac tac aac agc tat atg gac gag aag aat ggc ccc cct cct 514

Pro Met Asn Tyr Asn Ser Tyr Met Asp Glu Lys Asn Gly Pro Pro Pro
 100 105 110
 ccc aac atg acc acc aac gag agg aga gtc atc gtc ccc gca gac ccc 562
 Pro Asn Met Thr Thr Asn Glu Arg Arg Val Ile Val Pro Ala Asp Pro
 115 120 125 130
 aca ctg tgg aca cag gag cat gtg agg caa tgg ctg gag tgg gcc ata 610
 Thr Leu Trp Thr Gln Glu His Val Arg Gln Trp Leu Glu Trp Ala Ile
 135 140 145
 aag gag tac agc ttg atg gag atc gac aca tcc ttt ttc cag aac atg 658
 Lys Glu Tyr Ser Leu Met Glu Ile Asp Thr Ser Phe Phe Gln Asn Met
 150 155 160
 gat ggc aag gaa ctg tgt aaa atg aac aag gag gac ttc ctc cgc gcc 706
 Asp Gly Lys Glu Leu Cys Lys Met Asn Lys Glu Asp Phe Leu Arg Ala
 165 170 175
 acc acc ctc tac aac acg gaa gtg ctg ttg tca cac ctc agt tac ctc 754
 Thr Thr Leu Tyr Asn Thr Glu Val Leu Leu Ser His Leu Ser Tyr Leu
 180 185 190
 agg gaa agt tca ctg ctg gcc tat aat aca acc tcc cac acc gac caa 802
 Arg Glu Ser Ser Leu Leu Ala Tyr Asn Thr Thr Ser His Thr Asp Gln
 195 200 205 210
 tcc tca cga ttg agt gtc aaa gaa gac cct tct tat gac tca gtc aga 850
 Ser Ser Arg Leu Ser Val Lys Glu Asp Pro Ser Tyr Asp Ser Val Arg
 215 220 225
 aga gga gct tgg ggc aat aac atg aat tct ggc ctc aac aaa agt cct 898
 Arg Gly Ala Trp Gly Asn Asn Met Asn Ser Gly Leu Asn Lys Ser Pro
 230 235 240
 ccc ctt gga ggg gca caa acg atc agt aag aat aca gag caa cgg ccc 946
 Pro Leu Gly Gly Ala Gln Thr Ile Ser Lys Asn Thr Glu Gln Arg Pro
 245 250 255

cag cca gat ccg tat cag atc ctg ggc ccg acc agc agt cgc cta gcc	994
Gln Pro Asp Pro Tyr Gln Ile Leu Gly Pro Thr Ser Ser Arg Leu Ala	
260 265 270	
aac cct gga agc ggg cag atc cag ctg tgg caa ttc ctc ctg gag ctg	1042
Asn Pro Gly Ser Gly Gln Ile Gln Leu Trp Gln Phe Leu Leu Glu Leu	
275 280 285 290	
ctc tcc gac agc gcc aac gcc agc tgt atc acc tgg gag ggg acc aac	1090
Leu Ser Asp Ser Ala Asn Ala Ser Cys Ile Thr Trp Glu Gly Thr Asn	
295 300 305	
ggg gag ttc aaa atg acg gac ccc gat gag gtg gcc agg cgc tgg ggc	1138
Gly Glu Phe Lys Met Thr Asp Pro Asp Glu Val Ala Arg Arg Trp Gly	
310 315 320	
gag cgg aaa agc aag ccc aac atg aat tac gac aag ctg agc cgg gcc	1186
Glu Arg Lys Ser Lys Pro Asn Met Asn Tyr Asp Lys Leu Ser Arg Ala	
325 330 335	
ctc cgt tat tac tat gat aaa aac att atg acc aaa gtg cac ggc aaa	1234
Leu Arg Tyr Tyr Tyr Asp Lys Asn Ile Met Thr Lys Val His Gly Lys	
340 345 350	
aga tat gct tac aaa ttt gac ttc cac ggc att gcc cag gct ctg cag	1282
Arg Tyr Ala Tyr Lys Phe Asp Phe His Gly Ile Ala Gln Ala Leu Gln	
355 360 365 370	
cca cat ccg acc gag tcg tcc atg tac aag tac cct tct gac atc tcc	1330
Pro His Pro Thr Glu Ser Ser Met Tyr Lys Tyr Pro Ser Asp Ile Ser	
375 380 385	
tac atg cct tcc caa cat gcc cac cag cag aag gtg aac ttt gtc cct	1378
Tyr Met Pro Ser Gln His Ala His Gln Gln Lys Val Asn Phe Val Pro	
390 395 400	
ccc cat cca tcc tcc atg cct gtc act tcc tcc agc ttc ttt gga gcc	1426
Pro His Pro Ser Ser Met Pro Val Thr Ser Ser Ser Phe Phe Gly Ala	

405	410	415	
gca tca caa tac tgg acc tcc acg ggg gga atc tac ccc aac ccc aac			1474
Ala Ser Gln Tyr Trp Thr Ser Thr Gly Gly Ile Tyr Pro Asn Pro Asn			
420	425	430	
gtc ccc cgc cat cct aac acc cac gtg cct tca cac tta ggc agc tac			1522
Val Pro Arg His Pro Asn Thr His Val Pro Ser His Leu Gly Ser Tyr			
435	440	445	450
tac tagaagctta ctcattcagtgc gccttctagc tgaagcccat cctgcacact			1575
Tyr			
tactggatgc tttggactca acaggacata tgtggccttg aagggaagac aaaactggat			1635
gtttctttctt gttggataga acctttgtat ttgttcttta aaaatatattt ttttaattgtt			1695
ggtaactttt gcttctctta cctgaacaaa gagatgaata attccatggg ccagtatgcc			1755
agtttgaatt ctcagtcctc tagcatcttg tgagttgcat attaagatta ctggaatggg			1815
taagtcatgg ttctgagaaa gaagctgtac gttttcttta tgtttttatg accaaagcag			1875
tttcttgtca atacacgggg ttcagtatga cacagaatca tggacttaac ccgtcatgtt			1935
ctggtttgag atttagtgac aaatagaggt gggaagctta taatctaatt ttaggaggac			1995
caaattcagc ggatggcaac tggaacattg attgtaaggc cagtgaagtt ttcaccaaac			2055
tggaatttga tggaaagaag gtttgtgtgt ttaagacgcc aagggcattg cagaatccct			2115
ctcagtggac agtatgcact cagctgacca ctctctctag aaatagtcaa gatatgaact			2175
aagaaatttt aatgcaaata catacattcc tgaaagacgg ggaattaaat tactaatttt			2235
ttttttttaa atgatgacag tgggtcccaga acttggaaaa gttgtaggga tttctaaact			2295
caagcagatt cgcaagtgcg gtgcgcttgt cagaccatca gaccagggcc aaccaatcag			2355
aaggcaactt actgtataaa ttatgcagag ttattttcct atatctcaca gtattaaaaa			2415
ataaataatt aaaaattaag aataaataaa cgagttgacc tcggtcacia aagcagtttt			2475
actatcgaat caatcgctgt tatttttttt taatgtaatt tgtacatctt ttttcaatct			2535
gtacatttgg gctgtcttgt atgtttttat gctccttttt aaaaagcata atatgcctat			2595
agctgaaaag gaaacagggc tgtttaagtc actgacttat gagaaagcaa agcactggta			2655
cagttattta acaggcatac acaagcaggg aaaagataat ccatttagat ctttaatgct			2715
ttggaaatgc gtgtaacagt actgcaataa tcacagctct gggaaaaaca acgaaacttt			2775

cccttgtgga gaggaggat tttcctgctc tatataagca acatatatttt agacattaaa 2835
 atatatataa ttttgcaggt aattgttgac tttttaact atattaagtg ttaagctgac 2895
 aactgtcaaa gaagaccatg ttgtaaaata attgactaa ataaatgggt ccttctctc 2954

【 0 4 0 9 】

<210> 84

<211> 451

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 84

Met	Asp	Gly	Thr	Ile	Lys	Glu	Ala	Leu	Ser	Val	Val	Ser	Asp	Asp	Gln
1					5					10					15
Ser	Leu	Phe	Asp	Ser	Ala	Tyr	Gly	Ala	Ala	Ala	His	Leu	Pro	Lys	Ala
			20					25					30		
Asp	Met	Thr	Ala	Ser	Gly	Ser	Pro	Asp	Tyr	Gly	Gln	Pro	His	Lys	Ile
		35					40					45			
Asn	Pro	Leu	Pro	Pro	Gln	Gln	Glu	Trp	Ile	Asn	Gln	Pro	Val	Arg	Val
	50					55					60				
Asn	Val	Lys	Arg	Glu	Tyr	Asp	His	Met	Asn	Gly	Ser	Arg	Glu	Ser	Pro
65					70					75				80	
Val	Asp	Cys	Ser	Val	Ser	Lys	Cys	Ser	Lys	Leu	Val	Gly	Gly	Gly	Glu
			85						90					95	
Ser	Asn	Pro	Met	Asn	Tyr	Asn	Ser	Tyr	Met	Asp	Glu	Lys	Asn	Gly	Pro
		100						105						110	
Pro	Pro	Pro	Asn	Met	Thr	Thr	Asn	Glu	Arg	Arg	Val	Ile	Val	Pro	Ala
		115					120						125		
Asp	Pro	Thr	Leu	Trp	Thr	Gln	Glu	His	Val	Arg	Gln	Trp	Leu	Glu	Trp
		130					135					140			
Ala	Ile	Lys	Glu	Tyr	Ser	Leu	Met	Glu	Ile	Asp	Thr	Ser	Phe	Phe	Gln
145						150					155				160

Asn Met Asp Gly Lys Glu Leu Cys Lys Met Asn Lys Glu Asp Phe Leu			
165	170	175	
Arg Ala Thr Thr Leu Tyr Asn Thr Glu Val Leu Leu Ser His Leu Ser			
180	185	190	
Tyr Leu Arg Glu Ser Ser Leu Leu Ala Tyr Asn Thr Thr Ser His Thr			
195	200	205	
Asp Gln Ser Ser Arg Leu Ser Val Lys Glu Asp Pro Ser Tyr Asp Ser			
210	215	220	
Val Arg Arg Gly Ala Trp Gly Asn Asn Met Asn Ser Gly Leu Asn Lys			
225	230	235	240
Ser Pro Pro Leu Gly Gly Ala Gln Thr Ile Ser Lys Asn Thr Glu Gln			
245	250	255	
Arg Pro Gln Pro Asp Pro Tyr Gln Ile Leu Gly Pro Thr Ser Ser Arg			
260	265	270	
Leu Ala Asn Pro Gly Ser Gly Gln Ile Gln Leu Trp Gln Phe Leu Leu			
275	280	285	
Glu Leu Leu Ser Asp Ser Ala Asn Ala Ser Cys Ile Thr Trp Glu Gly			
290	295	300	
Thr Asn Gly Glu Phe Lys Met Thr Asp Pro Asp Glu Val Ala Arg Arg			
305	310	315	320
Trp Gly Glu Arg Lys Ser Lys Pro Asn Met Asn Tyr Asp Lys Leu Ser			
325	330	335	
Arg Ala Leu Arg Tyr Tyr Tyr Asp Lys Asn Ile Met Thr Lys Val His			
340	345	350	
Gly Lys Arg Tyr Ala Tyr Lys Phe Asp Phe His Gly Ile Ala Gln Ala			
355	360	365	
Leu Gln Pro His Pro Thr Glu Ser Ser Met Tyr Lys Tyr Pro Ser Asp			
370	375	380	
Ile Ser Tyr Met Pro Ser Gln His Ala His Gln Gln Lys Val Asn Phe			

385 390 395 400
Val Pro Pro His Pro Ser Ser Met Pro Val Thr Ser Ser Ser Phe Phe

 405 410 415
Gly Ala Ala Ser Gln Tyr Trp Thr Ser Thr Gly Gly Ile Tyr Pro Asn

 420 425 430
Pro Asn Val Pro Arg His Pro Asn Thr His Val Pro Ser His Leu Gly

 435 440 445
Ser Tyr Tyr

450

【 0 4 1 0 】

<210> 85

<211> 1817

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (2)..(361)

<400> 85

g cag cag gat ggg gag ggc cat acc cag gac acg gag ctc gtg gag acc 49

Gln Gln Asp Gly Glu Gly His Thr Gln Asp Thr Glu Leu Val Glu Thr

1 5 10 15

agg cct gca ggg gat gga acc ttc cag aag tgg gca gct gtg gtg gtg 97

Arg Pro Ala Gly Asp Gly Thr Phe Gln Lys Trp Ala Ala Val Val Val

20 25 30

cct tct gga gag gag cag aga tac acg tgc cat gtg cag cat gag ggg 145

Pro Ser Gly Glu Glu Gln Arg Tyr Thr Cys His Val Gln His Glu Gly

35 40 45

cta ccc gag ccc gtc acc ctg aga tgg aag ccg gct tcc cag ccc acc 193

Leu Pro Glu Pro Val Thr Leu Arg Trp Lys Pro Ala Ser Gln Pro Thr

50	55	60	
atc ccc atc gtg ggc atc att gct ggc ctg gtt ctc ctt gga tct gtg	241		
Ile Pro Ile Val Gly Ile Ile Ala Gly Leu Val Leu Leu Gly Ser Val			
65	70	75	80
gtc tct gga gct gtg gtt gct gct gtg ata tgg agg aag aag agc tca	288		
Val Ser Gly Ala Val Val Ala Ala Val Ile Trp Arg Lys Lys Ser Ser			
85	90	95	
ggg gga aaa gga ggg agc tac tct aag gct gag tgg agc gac agt gcc	337		
Gly Gly Lys Gly Gly Ser Tyr Ser Lys Ala Glu Trp Ser Asp Ser Ala			
100	105	110	
cag ggg tct gag tct cac agc ttg taaagcctga gacagctgcc ttgtgtgcga	391		
Gln Gly Ser Glu Ser His Ser Leu			
115	120		
ctgagatgca cagctgcctt gtgtgcgact gagatgcagg atttcctcac gcctccccta	451		
tgtgtcttag gggactctgg cttctctttt tgcaagggcc tctgaatctg tctgtgtccc	511		
tgtagcaca atgtgaggag gtagagaaac agtcacctc tgtgtctacc atgaccccct	571		
tcctcacact gacctgtgtt ccttcctgt tctcttttct attaaaaata agaacctggg	631		
cagagtgcgg cagctcatgc ctgtaatccc agcacttagg gaggccgagg agggcagatc	691		
acgaggtcag gagatcgaaa ccatcctggc taacacggtg aaaccccgtc tctactaaaa	751		
aatacaaaaa attagctggg cgcagaggca cgggcctgta gtcccagcta ctcaggaggc	811		
ggaggcagga gaatggcgtc aacccgggag gcggagggtg cagttagcca ggattgtgcg	871		
actgcatcca gcctgggtga cagggtgaaa cgccatctca aaaaataaaa attgaaaaat	931		
aaaaaaagaa cctggatctc aatttaattt ttcatttct tgcaatgaaa tggacttgag	991		
gaagctaaga tcatagctag aaatacagat aattccacag cacatctcta gcaaatttag	1051		
cctatttcta ttctctagcc tattccttac cacctgtaat cttgaccata taccttgag	1111		
ttgaatattg tttcatact gctgtggttt gaatgttccc tccaacactc atgttgagac	1171		
ttaatcccta atgtggcaat actgaaaggt ggggcctttg agatgtgatt ggatcgtaag	1231		
gctgtgcctt cattcatggg ttaatggatt aatgggttat cacaggaatg ggactgggtg	1291		
ctttataaga agaggaaaag agaactgagc tagcatgccc agcccacaga gagcctccac	1351		

tagagtgatg ctaagtggaa atgtgaggtg cagctgccac agagggcccc caccagggaa 1411
atgtctagtg tctagtggat ccaggccaca ggagagagtg ccttgtggag cgctgggagc 1471
aggaccctga accaccacca gaccccagaa ctgtggagtc agtggcagca tgcagcgccc 1531
cttgggaaag ctttagcacc agcctgcaac ccattcgacg agccacgtag gctgcaccca 1591
gcaaagccac aggcacgggg ctacctgagc cttgggggcc caatccctgc tccagtgtgt 1651
ccgtgaggca gcacacgaag tcaaaagaga ttattctctt cccacagata ccttttctct 1711
cccatgacct tttaacagca tctgttcat tcccctcacc tcccaggct gatctgaggt 1771
aaactttgaa gtaaaataaa agctgtgttt gagcatcaaa aaaaaa 1817

【 0 4 1 1 】

<210> 86

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 86

Gln	Gln	Asp	Gly	Glu	Gly	His	Thr	Gln	Asp	Thr	Glu	Leu	Val	Glu	Thr
1				5				10				15			
Arg	Pro	Ala	Gly	Asp	Gly	Thr	Phe	Gln	Lys	Trp	Ala	Ala	Val	Val	Val
				20				25				30			
Pro	Ser	Gly	Glu	Glu	Gln	Arg	Tyr	Thr	Cys	His	Val	Gln	His	Glu	Gly
				35				40				45			
Leu	Pro	Glu	Pro	Val	Thr	Leu	Arg	Trp	Lys	Pro	Ala	Ser	Gln	Pro	Thr
				50				55				60			
Ile	Pro	Ile	Val	Gly	Ile	Ile	Ala	Gly	Leu	Val	Leu	Leu	Gly	Ser	Val
				65				70				75			80
Val	Ser	Gly	Ala	Val	Val	Ala	Ala	Val	Ile	Trp	Arg	Lys	Lys	Ser	Ser
				85				90				95			
Gly	Gly	Lys	Gly	Gly	Ser	Tyr	Ser	Lys	Ala	Glu	Trp	Ser	Asp	Ser	Ala
				100				105				110			
Gln	Gly	Ser	Glu	Ser	His	Ser	Leu								

115

120

【 0 4 1 2 】

<210> 87

<211> 2876

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (76)..(1281)

<400> 87

gaattcctgc agctcagcag ccgccgccag agcaggacga accgccaatc gcaaggcacc 60

tctgagaact tcagg atg cag atg tct cca gcc ctc acc tgc cta gtc ctg 111

Met Gln Met Ser Pro Ala Leu Thr Cys Leu Val Leu

1

5

10

ggc ctg gcc ctt gtc ttt ggt gaa ggg tct gct gtg cac cat ccc cca 159

Gly Leu Ala Leu Val Phe Gly Glu Gly Ser Ala Val His His Pro Pro

15

20

25

tcc tac gtg gcc cac ctg gcc tca gac ttc ggg gtg agg gtg ttt cag 207

Ser Tyr Val Ala His Leu Ala Ser Asp Phe Gly Val Arg Val Phe Gln

30

35

40

cag gtg gcg cag gcc tcc aag gac cgc aac gtg gtt ttc tca ccc tat 255

Gln Val Ala Gln Ala Ser Lys Asp Arg Asn Val Val Phe Ser Pro Tyr

45

50

55

60

ggg gtg gcc tcg gtg ttg gcc atg ctc cag ctg aca aca gga gga gaa 303

Gly Val Ala Ser Val Leu Ala Met Leu Gln Leu Thr Thr Gly Gly Glu

65

70

75

acc cag cag cag att caa gca gct atg gga ttc aag att gat gac aag 351

Thr Gln Gln Gln Ile Gln Ala Ala Met Gly Phe Lys Ile Asp Asp Lys

80

85

90

ggc atg gcc ccc gcc ctc cgg cat ctg tac aag gag ctc atg ggg cca 399
 Gly Met Ala Pro Ala Leu Arg His Leu Tyr Lys Glu Leu Met Gly Pro
 95 100 105
 tgg aac aag gat gag atc agc acc aca gac gcg atc ttc gtc cag cgg 447
 Trp Asn Lys Asp Glu Ile Ser Thr Thr Asp Ala Ile Phe Val Gln Arg
 110 115 120
 gat ctg aag ctg gtc cag ggc ttc atg ccc cac ttc ttc agg ctg ttc 495
 Asp Leu Lys Leu Val Gln Gly Phe Met Pro His Phe Phe Arg Leu Phe
 125 130 135 140
 cgg agc acg gtc aag caa gtg gac ttt tca gag gtg gag aga gcc aga 543
 Arg Ser Thr Val Lys Gln Val Asp Phe Ser Glu Val Glu Arg Ala Arg
 145 150 155
 ttc atc atc aat gac tgg gtg aag aca cac aca aaa ggt atg atc agc 591
 Phe Ile Ile Asn Asp Trp Val Lys Thr His Thr Lys Gly Met Ile Ser
 160 165 170
 aac ttg ctt ggg aaa gga gcc gtg gac cag ctg aca cgg ctg gtg ctg 639
 Asn Leu Leu Gly Lys Gly Ala Val Asp Gln Leu Thr Arg Leu Val Leu
 175 180 185
 gtg aat gcc ctc tac ttc aac ggc cag tgg aag act ccc ttc ccc gac 687
 Val Asn Ala Leu Tyr Phe Asn Gly Gln Trp Lys Thr Pro Phe Pro Asp
 190 195 200
 tcc agc acc cac cgc cgc ctc ttc cac aaa tca gac ggc agc act gtc 735
 Ser Ser Thr His Arg Arg Leu Phe His Lys Ser Asp Gly Ser Thr Val
 205 210 215 220
 tct gtg ccc atg atg gct cag acc aac aag ttc aac tat act gag ttc 783
 Ser Val Pro Met Met Ala Gln Thr Asn Lys Phe Asn Tyr Thr Glu Phe
 225 230 235
 acc acg ccc gat ggc cat tac tac gac atc ctg gaa ctg ccc tac cac 831
 Thr Thr Pro Asp Gly His Tyr Tyr Asp Ile Leu Glu Leu Pro Tyr His

240	245	250	
ggg gac acc ctc agc atg ttc att gct gcc cct tat gaa aaa gag gtg			879
Gly Asp Thr Leu Ser Met Phe Ile Ala Ala Pro Tyr Glu Lys Glu Val			
255	260	265	
ctt ctc tct gcc ctc acc aac att ctg agt gcc cag ctc atc agc cac			927
Pro Leu Ser Ala Leu Thr Asn Ile Leu Ser Ala Gln Leu Ile Ser His			
270	275	280	
tgg aaa ggc aac atg acc agg ctg ccc cgc ctc ctg gtt ctg ccc aag			975
Trp Lys Gly Asn Met Thr Arg Leu Pro Arg Leu Leu Val Leu Pro Lys			
285	290	295	300
ttc tcc ctg gag act gaa gtc gac ctc agg aag ccc cta gag aac ctg			1023
Phe Ser Leu Glu Thr Glu Val Asp Leu Arg Lys Pro Leu Glu Asn Leu			
305	310	315	
gga atg acc gac atg ttc aga cag ttt cag gct gac ttc acg agt ctt			1071
Gly Met Thr Asp Met Phe Arg Gln Phe Gln Ala Asp Phe Thr Ser Leu			
320	325	330	
tca gac caa gag cct ctc cac gtc gcg cag gcg ctg cag aaa gtg aag			1119
Ser Asp Gln Glu Pro Leu His Val Ala Gln Ala Leu Gln Lys Val Lys			
335	340	345	
atc gag gtg aac gag agt ggc acg gtg gcc tcc tca tcc aca gct gtc			1167
Ile Glu Val Asn Glu Ser Gly Thr Val Ala Ser Ser Ser Thr Ala Val			
350	355	360	
ata gtc tca gcc cgc atg gcc ccc gag gag atc atc atg gac aga ccc			1215
Ile Val Ser Ala Arg Met Ala Pro Glu Glu Ile Ile Met Asp Arg Pro			
365	370	375	380
ttc ctc ttt gtg gtc cgg cac aac ccc aca gga aca gtc ctt ttc atg			1263
Phe Leu Phe Val Val Arg His Asn Pro Thr Gly Thr Val Leu Phe Met			
385	390	395	
ggc caa gtg atg gaa ccc tgaccctggg gaaagacgcc ttcattctggg			1311

Gly Gln Val Met Glu Pro

400

acaaaactgg agatgcatcg ggaaagaaga aactccgaag aaaagaattt tagtgtaaat 1371
 gactctttct gaaggaagag aagacatttg ccttttgta aaagatggta aaccagatct 1431
 gtctccaaga ccttggcctc tccttggagg acctttaggt caaactccct agtctccacc 1491
 tgagaccccg ggagagaagt ttgaagcaca actcccitaa ggctccaaa ccagacgggtg 1551
 acgccctgcgg gaccatctgg ggcacctgct tccacccgtc tctctgccca ctcgggtctg 1611
 cagacctggt tcccactgag gccctttgca ggatggaact acggggctta caggagcttt 1671
 tgtgtgcctg gtagaaacta tttctgttcc agtcacattg ccatcactct tgtactgcct 1731
 gccaccgcgg aggaggctgg tgacaggcca aaggccagtg gaagaaacac cttttcatct 1791
 cagagtccac tgtggcactg gccaccctc cccagtacag ggggtctgca ggtggcagag 1851
 tgaatgtccc ccatcatgtg gccaactct cctggcctgg ccatctccct cccagaaac 1911
 agtgtgcatg gggtattttg gagtgtagg gacttgttta ctcatgaag cagatttctg 1971
 ctccctttta tttttatagg aatagaggaa gaaatgtcag atgcgtgcc agctcttcac 2031
 cccccaatct cttgggtggg aggggtgtac cttaaatttt atcatatcct tgcccttgag 2091
 tgcttgttag agagaaagag aactactaag gaaaataata ttatttaaac tcgtccctag 2151
 tgtttctttg tggctgtgtg caccgtatct caggaagtcc agccacttga ctggcacaca 2211
 cccctccgga catccagcgt gacggagccc aactgccc cttgtggccg cctgagaccc 2271
 tcgcgcccc cgcgcccc gcgccccct tttccccctt gatggaaatt gaccatacaa 2331
 tttcatctc cttcagggga tcaaaaggac ggagtggggg gacagagact cagatgagga 2391
 cagagtgggt tccaatgtgt tcaatagatt taggagcaga aatgcaagg gctgcatgac 2451
 ctaccaggac agaactttcc ccaattacag ggtgactcac agccgcattg gtgactcact 2511
 tcaatgtgtc atttccggct gctgtgtgtg agcagtggac acgtgagggg ggggtgggtg 2571
 agagagacag gcagctcgga ttcaactacc ttagataata tttctgaaaa cctaccagcc 2631
 agagggtagg gcacaaagat ggatgtaatg cactttggga ggccaaggcg ggaggattgc 2691
 ttgagcccag gatttcaaga ccagcctggg caacatacca agacccccgt ctctttaaaa 2751
 atatatatat tttaaataata cttaaata tatttcta atctttaaat atatatatat 2811
 attttaaaga ccaatttatg ggagaattgc acacagatgt gaaatgaatg taatctaata 2871
 gaagc

2876

【 0 4 1 3 】

<210> 88

<211> 402

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 88

Met Gln Met Ser Pro Ala Leu Thr Cys Leu Val Leu Gly Leu Ala Leu
Val Phe Gly Glu Gly Ser Ala Val His His Pro Pro Ser Tyr Val Ala

1 5 10 15

His Leu Ala Ser Asp Phe Gly Val Arg Val Phe Gln Gln Val Ala Gln

20 25 30

Ala Ser Lys Asp Arg Asn Val Val Phe Ser Pro Tyr Gly Val Ala Ser

35 40 45

Val Leu Ala Met Leu Gln Leu Thr Thr Gly Gly Glu Thr Gln Gln Gln

50 55 60

Ile Gln Ala Ala Met Gly Phe Lys Ile Asp Asp Lys Gly Met Ala Pro

65 70 75 80

Ala Leu Arg His Leu Tyr Lys Glu Leu Met Gly Pro Trp Asn Lys Asp

85 90 95

Glu Ile Ser Thr Thr Asp Ala Ile Phe Val Gln Arg Asp Leu Lys Leu

100 105 110

Val Gln Gly Phe Met Pro His Phe Phe Arg Leu Phe Arg Ser Thr Val

115 120 125

Lys Gln Val Asp Phe Ser Glu Val Glu Arg Ala Arg Phe Ile Ile Asn

130 135 140

Asp Trp Val Lys Thr His Thr Lys Gly Met Ile Ser Asn Leu Leu Gly

145 150 155 160

Lys Gly Ala Val Asp Gln Leu Thr Arg Leu Val Leu Val Asn Ala Leu

165 170 175

Tyr Phe Asn Gly Gln Trp Lys Thr Pro Phe Pro Asp Ser Ser Thr His
 180 185 190
 Arg Arg Leu Phe His Lys Ser Asp Gly Ser Thr Val Ser Val Pro Met
 195 200 205
 Met Ala Gln Thr Asn Lys Phe Asn Tyr Thr Glu Phe Thr Thr Pro Asp
 210 215 220
 Gly His Tyr Tyr Asp Ile Leu Glu Leu Pro Tyr His Gly Asp Thr Leu
 225 230 235 240
 Ser Met Phe Ile Ala Ala Pro Tyr Glu Lys Glu Val Pro Leu Ser Ala
 245 250 255
 Leu Thr Asn Ile Leu Ser Ala Gln Leu Ile Ser His Trp Lys Gly Asn
 260 265 270
 Met Thr Arg Leu Pro Arg Leu Leu Val Leu Pro Lys Phe Ser Leu Glu
 275 280 285
 Thr Glu Val Asp Leu Arg Lys Pro Leu Glu Asn Leu Gly Met Thr Asp
 290 295 300
 Met Phe Arg Gln Phe Gln Ala Asp Phe Thr Ser Leu Ser Asp Gln Glu
 305 310 315 320
 Pro Leu His Val Ala Gln Ala Leu Gln Lys Val Lys Ile Glu Val Asn
 325 330 335
 Glu Ser Gly Thr Val Ala Ser Ser Ser Thr Ala Val Ile Val Ser Ala
 340 345 350
 Arg Met Ala Pro Glu Glu Ile Ile Met Asp Arg Pro Phe Leu Phe Val
 355 360 365
 Val Arg His Asn Pro Thr Gly Thr Val Leu Phe Met Gly Gln Val Met
 370 375 380
 Glu Pro
 385

【 0 4 1 4 】

<210> 89

<211> 1412

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (52)..(1341)

<400> 89

cggggtcgtc cgcaaagcct gattcctgtc ctttctctct ccccgacag c atg agc 57

Met Ser

1

ttc acc act cgc tcc acc ttc tcc acc aac tac cgg tcc ctg ggc tct 105

Phe Thr Thr Arg Ser Thr Phe Ser Thr Asn Tyr Arg Ser Leu Gly Ser

5

10

15

gtc cag gcg ccc agc tac ggc gcc cgg ccg gtc agc agc gcg gcc agc 153

Val Gln Ala Pro Ser Tyr Gly Ala Arg Pro Val Ser Ser Ala Ala Ser

20

25

30

gtc tat gca ggc gct ggg ggc tct ggt tcc cgg atc tcc gtg tcc cgc 201

Val Tyr Ala Gly Ala Gly Gly Ser Gly Ser Arg Ile Ser Val Ser Arg

35

40

45

50

tcc acc agc ttc agg ggc ggc atg ggg tcc ggg ggc ctg gcc acc ggg 249

Ser Thr Ser Phe Arg Gly Gly Met Gly Ser Gly Gly Leu Ala Thr Gly

55

60

65

ata gcc ggg ggt ctg gca gga atg gga ggc atc cag aac gag aag gag 297

Ile Ala Gly Gly Leu Ala Gly Met Gly Gly Ile Gln Asn Glu Lys Glu

70

75

80

acc atg caa agc ctg aac gac cgc ctg gcc tct tac ctg gac aga gtg 345

Thr Met Gln Ser Leu Asn Asp Arg Leu Ala Ser Tyr Leu Asp Arg Val

85

90

95

agg agc ctg gag acc gag aac cgg agg ctg gag agc aaa atc cgg gag 393
 Arg Ser Leu Glu Thr Glu Asn Arg Arg Leu Glu Ser Lys Ile Arg Glu
 100 105 110
 cac ttg gag aag aag gga ccc cag gtc aga gac tgg agc cat tac ttc 441
 His Leu Glu Lys Lys Gly Pro Gln Val Arg Asp Trp Ser His Tyr Phe
 115 120 125 130
 aag atc atc gag gac ctg agg gct cag atc ttc gca aat act gtg gac 489
 Lys Ile Ile Glu Asp Leu Arg Ala Gln Ile Phe Ala Asn Thr Val Asp
 135 140 145
 aat gcc cgc atc gtt ctg cag att gac aat gcc cgt ctt gct gct gat 537
 Asn Ala Arg Ile Val Leu Gln Ile Asp Asn Ala Arg Leu Ala Ala Asp
 150 155 160
 gac ttt aga gtc aag tat gag aca gag ctg gcc atg cgc cag tct gtg 585
 Asp Phe Arg Val Lys Tyr Glu Thr Glu Leu Ala Met Arg Gln Ser Val
 165 170 175
 gag aac gac atc cat ggg ctc cgc aag gtc att gat gac acc aat atc 633
 Glu Asn Asp Ile His Gly Leu Arg Lys Val Ile Asp Asp Thr Asn Ile
 180 185 190
 aca cga ctg cag ctg gag aca gag atc gag gct ctc aag gag gag ctg 681
 Thr Arg Leu Gln Leu Glu Thr Glu Ile Glu Ala Leu Lys Glu Glu Leu
 195 200 205 210
 ctc ttc atg aag aag aac cac gaa gag gaa gta aaa ggc cta caa gcc 729
 Leu Phe Met Lys Lys Asn His Glu Glu Glu Val Lys Gly Leu Gln Ala
 215 220 225
 cag att gcc agc tct ggg ttg acc gtg gag gta gat gcc ccc aaa tct 777
 Gln Ile Ala Ser Ser Gly Leu Thr Val Glu Val Asp Ala Pro Lys Ser
 230 235 240
 cag gac ctc gcc aag atc atg gca gac atc cgg gcc caa tat gac gag 825
 Gln Asp Leu Ala Lys Ile Met Ala Asp Ile Arg Ala Gln Tyr Asp Glu

245	250	255	
ctg gct cgg aag aac cga gag gag cta gac aag tac tgg tct cag cag			873
Leu Ala Arg Lys Asn Arg Glu Glu Leu Asp Lys Tyr Trp Ser Gln Gln			
260	265	270	
att gag gag agc acc aca gtg gtc acc aca cag tct gct gag gtt gga			921
Ile Glu Glu Ser Thr Thr Val Val Thr Thr Gln Ser Ala Glu Val Gly			
275	280	285	290
gct gct gag acg acg ctc aca gag ctg aga cgt aca gtc cag tcc ttg			969
Ala Ala Glu Thr Thr Leu Thr Glu Leu Arg Arg Thr Val Gln Ser Leu			
295	300	305	
gag atc gac ctg gac tcc atg aga aat ctg aag gcc agc ttg gag aac			1017
Glu Ile Asp Leu Asp Ser Met Arg Asn Leu Lys Ala Ser Leu Glu Asn			
310	315	320	
agc ctg agg gag gtg gag gcc cgc tac gcc cta cag atg gag cag ctc			1065
Ser Leu Arg Glu Val Glu Ala Arg Tyr Ala Leu Gln Met Glu Gln Leu			
325	330	335	
aac ggg atc ctg ctg cac ctt gag tca gag ctg gca cag acc cgg gca			1113
Asn Gly Ile Leu Leu His Leu Glu Ser Glu Leu Ala Gln Thr Arg Ala			
340	345	350	
gag gga cag cgc cag gcc cag gag tat gag gcc ctg ctg aac atc aag			1161
Glu Gly Gln Arg Gln Ala Gln Glu Tyr Glu Ala Leu Leu Asn Ile Lys			
355	360	365	370
gtc aag ctg gag gct gag atc gcc acc tac cgc cgc ctg ctg gaa gat			1209
Val Lys Leu Glu Ala Glu Ile Ala Thr Tyr Arg Arg Leu Leu Glu Asp			
375	380	385	
ggc gag gac ttt aat ctt ggt gat gcc ttg gac agc agc aac tcc atg			1257
Gly Glu Asp Phe Asn Leu Gly Asp Ala Leu Asp Ser Ser Asn Ser Met			
390	395	400	
caa acc atc caa aag acc acc acc cgc cgg ata gtg gat ggc aaa gtg			1305

Gln Thr Ile Gln Lys Thr Thr Thr Arg Arg Ile Val Asp Gly Lys Val
 405 410 415
 gtg tct gag acc aat gac acc aaa gtt ctg agg cat taagccagca 1351
 Val Ser Glu Thr Asn Asp Thr Lys Val Leu Arg His
 420 425 430
 gaagcagggc accctttggg gagcaggagg ccaataaaaa gticagagtt cattggatgt 1411
 c 1412

【 0 4 1 5 】

<210> 90

<211> 430

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 90

Met Ser Phe Thr Thr Arg Ser Thr Phe Ser Thr Asn Tyr Arg Ser Leu
 1 5 10 15
 Gly Ser Val Gln Ala Pro Ser Tyr Gly Ala Arg Pro Val Ser Ser Ala
 20 25 30
 Ala Ser Val Tyr Ala Gly Ala Gly Gly Ser Gly Ser Arg Ile Ser Val
 35 40 45
 Ser Arg Ser Thr Ser Phe Arg Gly Gly Met Gly Ser Gly Gly Leu Ala
 50 55 60
 Thr Gly Ile Ala Gly Gly Leu Ala Gly Met Gly Gly Ile Gln Asn Glu
 65 70 75 80
 Lys Glu Thr Met Gln Ser Leu Asn Asp Arg Leu Ala Ser Tyr Leu Asp
 85 90 95
 Arg Val Arg Ser Leu Glu Thr Glu Asn Arg Arg Leu Glu Ser Lys Ile
 100 105 110
 Arg Glu His Leu Glu Lys Lys Gly Pro Gln Val Arg Asp Trp Ser His
 115 120 125

Tyr Phe Lys Ile Ile Glu Asp Leu Arg Ala Gln Ile Phe Ala Asn Thr
 130 135 140
 Val Asp Asn Ala Arg Ile Val Leu Gln Ile Asp Asn Ala Arg Leu Ala
 145 150 155 160
 Ala Asp Asp Phe Arg Val Lys Tyr Glu Thr Glu Leu Ala Met Arg Gln
 165 170 175
 Ser Val Glu Asn Asp Ile His Gly Leu Arg Lys Val Ile Asp Asp Thr
 180 185 190
 Asn Ile Thr Arg Leu Gln Leu Glu Thr Glu Ile Glu Ala Leu Lys Glu
 195 200 205
 Glu Leu Leu Phe Met Lys Lys Asn His Glu Glu Glu Val Lys Gly Leu
 210 215 220
 Gln Ala Gln Ile Ala Ser Ser Gly Leu Thr Val Glu Val Asp Ala Pro
 225 230 235 240
 Lys Ser Gln Asp Leu Ala Lys Ile Met Ala Asp Ile Arg Ala Gln Tyr
 245 250 255
 Asp Glu Leu Ala Arg Lys Asn Arg Glu Glu Leu Asp Lys Tyr Trp Ser
 260 265 270
 Gln Gln Ile Glu Glu Ser Thr Thr Val Val Thr Thr Gln Ser Ala Glu
 275 280 285
 Val Gly Ala Ala Glu Thr Thr Leu Thr Glu Leu Arg Arg Thr Val Gln
 290 295 300
 Ser Leu Glu Ile Asp Leu Asp Ser Met Arg Asn Leu Lys Ala Ser Leu
 305 310 315 320
 Glu Asn Ser Leu Arg Glu Val Glu Ala Arg Tyr Ala Leu Gln Met Glu
 325 330 335
 Gln Leu Asn Gly Ile Leu Leu His Leu Glu Ser Glu Leu Ala Gln Thr
 340 345 350
 Arg Ala Glu Gly Gln Arg Gln Ala Gln Glu Tyr Glu Ala Leu Leu Asn

355	360	365
Ile Lys Val Lys Leu Glu Ala Glu Ile Ala Thr Tyr Arg Arg Leu Leu		
370	375	380
Glu Asp Gly Glu Asp Phe Asn Leu Gly Asp Ala Leu Asp Ser Ser Asn		
385	390	395
Ser Met Gln Thr Ile Gln Lys Thr Thr	Arg Arg Ile Val Asp Gly	
405	410	415
Lys Val Val Ser Glu Thr Asn Asp Thr Lys Val Leu Arg His		
420	425	430

【 0 4 1 6 】

<210> 91

<211> 1040

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (171)..(968)

<400> 91

gggcagacga tgctgaagat gctctccttt aagctgctgc tgctggccgt ggctctgggc 60
 ttctttgaag gagatgctaa gtttggggaa agaaacgaag ggagcggaca aggaggagaa 120
 ggtgcctgaa tgggaacccc ccgaagcgcc tgaaaaggag agacaggagg atg atg 176
 Met Met

1

tcc cag ctg gag ctg ctg agt ggg gga gag atg ctg tgc ggt ggc ttc 224
 Ser Gln Leu Glu Leu Leu Ser Gly Gly Glu Met Leu Cys Gly Gly Phe
 5 10 15
 tac cct cgg ctg tcc tgc tgc ctg cgg agt gac agc ccg ggg cta ggg 272
 Tyr Pro Arg Leu Ser Cys Cys Leu Arg Ser Asp Ser Pro Gly Leu Gly

20

25

30

cgc ctg gag aat aag ata ttt tct gtt acc aac aac aca gaa tgt ggg	320
Arg Leu Glu Asn Lys Ile Phe Ser Val Thr Asn Asn Thr Glu Cys Gly	
35 40 45 50	
aag tta ctg gag gaa atc aaa tgt gca ctt tgc tct cca cat tct caa	368
Lys Leu Leu Glu Glu Ile Lys Cys Ala Leu Cys Ser Pro His Ser Gln	
55 60 65	
agc ctg ttc cac tca cct gag aga gaa gtc ttg gaa aga gac cta gta	416
Ser Leu Phe His Ser Pro Glu Arg Glu Val Leu Glu Arg Asp Leu Val	
70 75 80	
ctt cct ctg ctc tgc aaa gac tat tgc aaa gaa ttc ttt tac act tgc	464
Leu Pro Leu Leu Cys Lys Asp Tyr Cys Lys Glu Phe Phe Tyr Thr Cys	
85 90 95	
cga ggc cat att cca ggt ttc ctt caa aca act gcg gat gag ttt tgc	512
Arg Gly His Ile Pro Gly Phe Leu Gln Thr Thr Ala Asp Glu Phe Cys	
100 105 110	
ttt tac tat gca aga aaa gat ggt ggg ttg tgc ttt cca gat ttt cca	560
Phe Tyr Tyr Ala Arg Lys Asp Gly Gly Leu Cys Phe Pro Asp Phe Pro	
115 120 125 130	
aga aaa caa gtc aga gga cca gca tct aac tac ttg gac cag atg gaa	608
Arg Lys Gln Val Arg Gly Pro Ala Ser Asn Tyr Leu Asp Gln Met Glu	
135 140 145	
gaa tat gac aaa gtg gaa gag atc agc aga aag cac aaa cac aac tgc	656
Glu Tyr Asp Lys Val Glu Glu Ile Ser Arg Lys His Lys His Asn Cys	
150 155 160	
ttc tgt att cag gag gtt gtg agt ggg ctg cgg cag ccc gtt ggt gcc	704
Phe Cys Ile Gln Glu Val Val Ser Gly Leu Arg Gln Pro Val Gly Ala	
165 170 175	
ctg cat agt ggg gat ggc tcg caa cgt ctc ttc att ctg gaa aaa gaa	752
Leu His Ser Gly Asp Gly Ser Gln Arg Leu Phe Ile Leu Glu Lys Glu	

180	185	190	
ggg tat ggt aag ata ctt acc cct gaa gga gaa att ttc aag gag cct	800		
Gly Tyr Val Lys Ile Leu Thr Pro Glu Gly Glu Ile Phe Lys Glu Pro			
195	200	205	210
tat ttg gac att cac aaa ctt gtt caa agt gga ata aag gtt ggc ttt	848		
Tyr Leu Asp Ile His Lys Leu Val Gln Ser Gly Ile Lys Val Gly Phe			
215	220	225	
tta aat ttt att tat ttt tgt gct ggc tac gtt aat ttt att tta gtg	896		
Leu Asn Phe Ile Tyr Phe Cys Ala Gly Tyr Val Asn Phe Ile Leu Val			
230	235	240	
tta cct tcc tca ctg aag gta ttt ctt tgt aat aaa aga aag aat ctt	944		
Leu Pro Ser Ser Leu Lys Val Phe Leu Cys Asn Lys Arg Lys Asn Leu			
245	250	255	
gca gga gaa aat aag ggg gca aca taagaaacaa taattatggc acctgaatta	998		
Ala Gly Glu Asn Lys Gly Ala Thr			
260	265		
ggacagtgac attaaakgtt ggctktttaw attttaaaaa aa	1040		

[0 4 1 7]

<210> 92

<211> 266

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 92

Met Met Ser Gln Leu Glu Leu Leu Ser Gly Gly Glu Met Leu Cys Gly

1

5

10

15

Gly Phe Tyr Pro Arg Leu Ser Cys Cys Leu Arg Ser Asp Ser Pro Gly

20

25

30

Leu Gly Arg Leu Glu Asn Lys Ile Phe Ser Val Thr Asn Asn Thr Glu

35

40

45

Cys Gly Lys Leu Leu Glu Glu Ile Lys Cys Ala Leu Cys Ser Pro His
 50 55 60
 Ser Gln Ser Leu Phe His Ser Pro Glu Arg Glu Val Leu Glu Arg Asp
 65 70 75 80
 Leu Val Leu Pro Leu Leu Cys Lys Asp Tyr Cys Lys Glu Phe Phe Tyr
 85 90 95
 Thr Cys Arg Gly His Ile Pro Gly Phe Leu Gln Thr Thr Ala Asp Glu
 100 105 110
 Phe Cys Phe Tyr Tyr Ala Arg Lys Asp Gly Gly Leu Cys Phe Pro Asp
 115 120 125
 Phe Pro Arg Lys Gln Val Arg Gly Pro Ala Ser Asn Tyr Leu Asp Gln
 130 135 140
 Met Glu Glu Tyr Asp Lys Val Glu Glu Ile Ser Arg Lys His Lys His
 145 150 155 160
 Asn Cys Phe Cys Ile Gln Glu Val Val Ser Gly Leu Arg Gln Pro Val
 165 170 175
 Gly Ala Leu His Ser Gly Asp Gly Ser Gln Arg Leu Phe Ile Leu Glu
 180 185 190
 Lys Glu Gly Tyr Val Lys Ile Leu Thr Pro Glu Gly Glu Ile Phe Lys
 195 200 205
 Glu Pro Tyr Leu Asp Ile His Lys Leu Val Gln Ser Gly Ile Lys Val
 210 215 220
 Gly Phe Leu Asn Phe Ile Tyr Phe Cys Ala Gly Tyr Val Asn Phe Ile
 225 230 235 240
 Leu Val Leu Pro Ser Ser Leu Lys Val Phe Leu Cys Asn Lys Arg Lys
 245 250 255
 Asn Leu Ala Gly Glu Asn Lys Gly Ala Thr
 260 265

【 0 4 1 8 】

<210> 93

<211> 1639

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (75)..(371)

<400> 93

```

agcagagcac acaagcttct aggacaagag ccaggaagaa accaccggaa ggaaccatct 60
cactgtgtgt aaac atg act tcc aag ctg gcc gtg gct ctc ttg gca gcc 110
      Met Thr Ser Lys Leu Ala Val Ala Leu Leu Ala Ala
              1              5              10
ttc ctg att tct gca gct ctg tgt gaa ggt gca gtt ttg cca agg agt 158
Phe Leu Ile Ser Ala Ala Leu Cys Glu Gly Ala Val Leu Pro Arg Ser
      15              20              25
gct aaa gaa ctt aga tgt cag tgc ata aag aca tac tcc aaa cct ttc 206
Ala Lys Glu Leu Arg Cys Gln Cys Ile Lys Thr Tyr Ser Lys Pro Phe
      30              35              40
cac ccc aaa ttt atc aaa gaa ctg aga gtg att gag agt gga cca cac 254
His Pro Lys Phe Ile Lys Glu Leu Arg Val Ile Glu Ser Gly Pro His
      45              50              55              60
tgc gcc aac aca gaa att att gta aag ctt tct gat gga aga gag ctc 302
Cys Ala Asn Thr Glu Ile Ile Val Lys Leu Ser Asp Gly Arg Glu Leu
      65              70              75
tgt ctg gac ccc aag gaa aac tgg gtg cag agg gtt gtg gag aag ttt 350
Cys Leu Asp Pro Lys Glu Asn Trp Val Gln Arg Val Val Glu Lys Phe
      80              85              90
ttg aag agg gct gag aat tca taaaaaatt cattctctgt ggtatccaag 401
Leu Lys Arg Ala Glu Asn Ser

```


95

aatcagtgaa gatgccagt aaacttcaag caaatctact tcaacacttc atgtattgtg 461
 tgggtctgtt gtagggttgc cagatgcaat acaagattcc tggttaaatt tgaatttcag 521
 taaacaatga atagtttttc attgtacat gaaatatcca gaacatactt atatgtaaag 581
 tattattttat ttgaattctac aaaaaacac aaataatttt taattataag gatttttcta 641
 gatattgcac gggagaatat acaaatagca aaattgagcc aagggccaaag agaatatccg 701
 aactttaatt tcaggaattg aatgggtttg ctagaatgtg atatttgaag catcacataa 761
 aaatgatggg acaataaatt ttgccataaa gtcaaattta gctggaaatc ctggattttt 821
 ttctgttaaa tctggcaacc ctagtctgct agccaggatc cacaagtcct tgttccactg 881
 tgccttgggt tctcctttat ttctaagtgg aaaaagtatt agccaccatc ttacctcaca 941
 gtgatgttgt gaggacatgt ggaagcactt taagtttttt catcataaca taaattattt 1001
 tcaagtgtaa cttattaacc tatttattat ttatgtattt atttaagcat caaatatttg 1061
 tgcaagaatt tggaaaaata gaagatgaat cattgattga atagttataa agatgttata 1121
 gttaaatttat tttatttttag atattaaatg atgttttatt agataaattt caatcagggt 1181
 ttttagatta aacaaagaaa caattgggta cccagttaaa ttttcatttc agataaaca 1241
 caaataattt tttagtataa gtacattatt gtttatctga aagttttaat tgaactaaca 1301
 atcctagttt gatactccca gtcttgtcat tgccagctgt gttggtagtg ctgtgttgaa 1361
 ttacggaata atgagttaga actattaaaa cagccaaaac tccacagtca atattagtaa 1421
 tttcttgctg gttgaaactt gtttattatg tacaatataga ttcttataat attattttaa 1481
 tgactgcatt tttaaataca aggctttata tttttaactt taagatgttt ttatgtgctc 1541
 tccaaatttt ttttactgtt tctgattgta tggaaatata aaagtaaata tgaacattt 1601
 aaaatataat ttgttgtcaa agtaaaaaaa aaaaaaaa 1639

【 0 4 1 9 】

<210> 94

<211> 99

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 94

Met Thr Ser Lys Leu Ala Val Ala Leu Leu Ala Ala Phe Leu Ile Ser

Ala Ala Leu Cys Glu Gly Ala Val Leu Pro Arg Ser Ala Lys Glu Leu
 1 5 10 15
 Arg Cys Gln Cys Ile Lys Thr Tyr Ser Lys Pro Phe His Pro Lys Phe
 20 25 30
 Ile Lys Glu Leu Arg Val Ile Glu Ser Gly Pro His Cys Ala Asn Thr
 35 40 45
 Glu Ile Ile Val Lys Leu Ser Asp Gly Arg Glu Leu Cys Leu Asp Pro
 50 55 60
 Lys Glu Asn Trp Val Gln Arg Val Val Glu Lys Phe Leu Lys Arg Ala
 65 70 75 80
 Glu Asn Ser

【 0 4 2 0 】

<210> 95

<211> 3293

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (8)..(1945)

<400> 95

gggaagc atg ggg ctt ccc agg ctg gtc tgc gcc ttc ttg ctc gcc gcc 49

Met Gly Leu Pro Arg Leu Val Cys Ala Phe Leu Leu Ala Ala

1 5 10

tgc tgc tgc tgt cct cgc gtc gcg ggt gtg ccc gga gag gct gag cag 97

Cys Cys Cys Cys Pro Arg Val Ala Gly Val Pro Gly Glu Ala Glu Gln

15 20 25 30

cct gcg cct gag ctg gtg gag gtg gaa gtg ggc agc aca gcc ctt ctg 145

Pro Ala Pro Glu Leu Val Glu Val Glu Val Gly Ser Thr Ala Leu Leu

35 40 45

aag tgc ggc ctc tcc cag tcc caa ggc aac ctc agc cat gtc gac tgg	193
Lys Cys Gly Leu Ser Gln Ser Gln Gly Asn Leu Ser His Val Asp Trp	
50 55 60	
ttt tct gtc cac aag gag aag cgg acg ctc atc ttc cgt gtg cgc cag	241
Phe Ser Val His Lys Glu Lys Arg Thr Leu Ile Phe Arg Val Arg Gln	
65 70 75	
ggc cag ggc cag agc gaa cct ggg gag tac gag cag cgg ctc agc ctc	289
Gly Gln Gly Gln Ser Glu Pro Gly Glu Tyr Glu Gln Arg Leu Ser Leu	
80 85 90	
cag gac aga ggg gct act ctg gcc ctg act caa gtc acc ccc caa gac	337
Gln Asp Arg Gly Ala Thr Leu Ala Leu Thr Gln Val Thr Pro Gln Asp	
95 100 105 110	
gag cgc atc ttc ttg tgc cag ggc aag cgc cct cgg tcc cag gag tac	385
Glu Arg Ile Phe Leu Cys Gln Gly Lys Arg Pro Arg Ser Gln Glu Tyr	
115 120 125	
cgc atc cag ctc cgc gtc tac aaa gct ccg gag gag cca aac atc cag	433
Arg Ile Gln Leu Arg Val Tyr Lys Ala Pro Glu Glu Pro Asn Ile Gln	
130 135 140	
gtc aac ccc ctg ggc atc cct gtg aac agt aag gag cct gag gag gtc	481
Val Asn Pro Leu Gly Ile Pro Val Asn Ser Lys Glu Pro Glu Glu Val	
145 150 155	
gct acc tgt gta ggg agg aac ggg tac ccc att cct caa gtc atc tgg	529
Ala Thr Cys Val Gly Arg Asn Gly Tyr Pro Ile Pro Gln Val Ile Trp	
160 165 170	
tac aag aat ggc cgg cct ctg aag gag gag aag aac cgg gtc cac att	577
Tyr Lys Asn Gly Arg Pro Leu Lys Glu Glu Lys Asn Arg Val His Ile	
175 180 185 190	
cag tcg tcc cag act gtg gag tcg agt ggt ttg tac acc ttg cag agt	625
Gln Ser Ser Gln Thr Val Glu Ser Ser Gly Leu Tyr Thr Leu Gln Ser	

195	200	205	
att ctg aag gca cag ctg gtt aaa gaa gac aaa gat gcc cag ttt tac			673
Ile Leu Lys Ala Gln Leu Val Lys Glu Asp Lys Asp Ala Gln Phe Tyr			
210	215	220	
tgt gag ctc aac tac cgg ctg ccc agt ggg aac cac atg aag gag tcc			721
Cys Glu Leu Asn Tyr Arg Leu Pro Ser Gly Asn His Met Lys Glu Ser			
225	230	235	
agg gaa gtc acc gtc cct gtt ttc tac ccg aca gaa aaa gtg tgg ctg			769
Arg Glu Val Thr Val Pro Val Phe Tyr Pro Thr Glu Lys Val Trp Leu			
240	245	250	
gaa gtg gag ccc gtg gga atg ctg aag gaa ggg gac cgc gtg gaa atc			817
Glu Val Glu Pro Val Gly Met Leu Lys Glu Gly Asp Arg Val Glu Ile			
255	260	265	270
agg tgt ttg gct gat ggc aac cct cca cca cac ttc agc atc agc aag			865
Arg Cys Leu Ala Asp Gly Asn Pro Pro Pro His Phe Ser Ile Ser Lys			
275	280	285	
cag aac ccc agc acc agg gag gca gag gaa gag aca acc aac gac aac			913
Gln Asn Pro Ser Thr Arg Glu Ala Glu Glu Glu Thr Thr Asn Asp Asn			
290	295	300	
ggg gtc ctg gtg ctg gag cct gcc cgg aag gaa cac agt ggg cgc tat			961
Gly Val Leu Val Leu Glu Pro Ala Arg Lys Glu His Ser Gly Arg Tyr			
305	310	315	
gaa tgt cag gcc tgg aac ttg gac acc atg ata tcg ctg ctg agt gaa			1009
Glu Cys Gln Ala Trp Asn Leu Asp Thr Met Ile Ser Leu Leu Ser Glu			
320	325	330	
cca cag gaa cta ctg gtg aac tat gtg tct gac gtc cga gtg agt ccc			1057
Pro Gln Glu Leu Leu Val Asn Tyr Val Ser Asp Val Arg Val Ser Pro			
335	340	345	350
gca gcc cct gag aga cag gaa ggc agc agc ctc acc ctg acc tgt gag			1105

Ala Ala Pro Glu Arg Gln Glu Gly Ser Ser Leu Thr Leu Thr Cys Glu	
355 360 365	
gca gag agt agc cag gac ctc gag ttc cag tgg ctg aga gaa gag aca	1153
Ala Glu Ser Ser Gln Asp Leu Glu Phe Gln Trp Leu Arg Glu Glu Thr	
370 375 380	
gac cag gtg ctg gaa agg ggg cct gtg ctt cag ttg cat gac ctg aaa	1201
Asp Gln Val Leu Glu Arg Gly Pro Val Leu Gln Leu His Asp Leu Lys	
385 390 395	
cgg gag gca gga ggc ggc tat cgc tgc gtg gcg tct gtg ccc agc ata	1249
Arg Glu Ala Gly Gly Gly Tyr Arg Cys Val Ala Ser Val Pro Ser Ile	
400 405 410	
ccc ggc ctg aac cgc aca cag ctg gtc aag ctg gcc att ttt ggc ccc	1297
Pro Gly Leu Asn Arg Thr Gln Leu Val Lys Leu Ala Ile Phe Gly Pro	
415 420 425 430	
cct tgg atg gca ttc aag gag agg aag gtg tgg gtg aaa gag aat atg	1345
Pro Trp Met Ala Phe Lys Glu Arg Lys Val Trp Val Lys Glu Asn Met	
435 440 445	
gtg ttg aat ctg tct tgt gaa gcg tca ggg cac ccc cgg ccc acc atc	1393
Val Leu Asn Leu Ser Cys Glu Ala Ser Gly His Pro Arg Pro Thr Ile	
450 455 460	
tcc tgg aac gtc aac ggc acg gca agt gaa caa gac caa gat cca cag	1441
Ser Trp Asn Val Asn Gly Thr Ala Ser Glu Gln Asp Gln Asp Pro Gln	
465 470 475	
cga gtc ctg agc acc ctg aat gtc ctc gtg acc ccg gag ctg ttg gag	1489
Arg Val Leu Ser Thr Leu Asn Val Leu Val Thr Pro Glu Leu Leu Glu	
480 485 490	
aca ggt gtt gaa tgc acg gcc tcc aac gac ctg ggc aaa aac acc agc	1537
Thr Gly Val Glu Cys Thr Ala Ser Asn Asp Leu Gly Lys Asn Thr Ser	
495 500 505 510	

atc ctc ttc ctg gag ctg gtc aat tta acc acc ctc aca cca gac tcc 1585
 Ile Leu Phe Leu Glu Leu Val Asn Leu Thr Thr Leu Thr Pro Asp Ser
 515 520 525

aac aca acc act ggc ctc agc act tcc act gcc agt cct cat acc aga 1633
 Asn Thr Thr Thr Gly Leu Ser Thr Ser Thr Ala Ser Pro His Thr Arg
 530 535 540

gcc aac agc acc tcc aca gag aga aag ctg ccg gag ccg gag agc cgg 1681
 Ala Asn Ser Thr Ser Thr Glu Arg Lys Leu Pro Glu Pro Glu Ser Arg
 545 550 555

ggc gtg gtc atc gtg gct gtg att gtg tgc atc ctg gtc ctg gcg gtg 1729
 Gly Val Val Ile Val Ala Val Ile Val Cys Ile Leu Val Leu Ala Val
 560 565 570

ctg ggc gct gtc ctc tat ttc ctc tat aag aag ggc aag ctg ccg tgc 1777
 Leu Gly Ala Val Leu Tyr Phe Leu Tyr Lys Lys Gly Lys Leu Pro Cys
 575 580 585 590

agg cgc tca ggg aag cag gag atc acg ctg ccc ccg tct cgt aag acc 1825
 Arg Arg Ser Gly Lys Gln Glu Ile Thr Leu Pro Pro Ser Arg Lys Thr
 595 600 605

gaa ctt gta gtt gaa gtt aag tca gat aag ctc cca gaa gag atg ggc 1873
 Glu Leu Val Val Glu Val Lys Ser Asp Lys Leu Pro Glu Glu Met Gly
 610 615 620

ctc ctg cag ggc agc agc ggt gac aag agg gct ccg gga gac cag gga 1921
 Leu Leu Gln Gly Ser Ser Gly Asp Lys Arg Ala Pro Gly Asp Gln Gly
 625 630 635

gag aaa tac atc gat ctg agg cat tagcccccga tcacttcagc tcccttcct 1975
 Glu Lys Tyr Ile Asp Leu Arg His
 640 645

gcctggacca ttcccagctc cctgctcact cttctctcag ccaaagctca aagggactag 2035
 agagaagcct cctgctcccc tcgcctgcac accccctttc agagggccac tgggttagga 2095

cctgaggacc tcacttggcc ctgcaaggcc cgcttttcag ggaccagtcc accaccatct 2155
 cctccacgtt gagtgaagct catcccaagc aaggagcccc agtctcccga gcgggtagga 2215
 gagtttcttg cagaacgtgt tttttcttta cacacattat gctgtaaata cgctcgtcct 2275
 gccagcagct gagctgggta gcctctctga gctggtttcc tgccccaaag gctggcattc 2335
 caccatccag ptgcaccact gaagttagga cacaccgag ccaggccct gctcatgttg 2395
 aagtgccgctg ttacacaccg ctccggagag caccocagca gcatccagaa gcagctgcag 2455
 tgcaagcttg catgcctgcg tgttgctgca ccacctcct gtctgcctct tcaaagtctc 2515
 ctgtgacatt ttttctttgg tcagaggcca ggaacttgtt cattccttaa agatacgtgc 2575
 cggggccagg tgttgctcac gcctgtaatc ccagcacttt gggaggccga ggcggcggat 2635
 cacaaagtca gacgagacca tccttgctaa cacggtgaaa ccctgtctct actaaaaata 2695
 caaaaaaaaa ttagctaggc gtagtggttg gcacctatag tcccagctac tcggaaggct 2755
 gaagcaggag aatggtatga atccaggagg tggagcttgc agtgagccga gaccgtgcca 2815
 ctgcactcca gcctgggcaa cacagcgaga ctccgtctcg aggaaaaaaaa aaatcgtgct 2875
 cgtagcagct ggctctgttt cgagtcaggt gaattagcct caatccccgt gttcacttgc 2935
 tcccatagcc ctcttgatgg atcacgtaaa actgaaaggc agcggggagc agacaaagat 2995
 gaggtctaca ctgtccttca tggggattaa agctatggtt atattagcac caaacttcta 3055
 caaaccaagc tcaggaccca accctagaag ggcccaaatg agagaatggt acttagggat 3115
 ggcaaaacgg gcctggctag agcttcgggt gtgtgtgtct gtctgtgtat gcatacatat 3175
 gtgtgtatat atggttttgt caggtgtgta aatttgcaa ttgtttcctt tatatatgta 3235
 tgtatatata tatatgaaaa tatatatata tatgaaaaat aaagcttaat tgtcccag 3293

【 0 4 2 1 】

<210> 96

<211> 646

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 96

Met Gly Leu Pro Arg Leu Val Cys Ala Phe Leu Leu Ala Ala Cys Cys

1

5

10

15

Cys Cys Pro Arg Val Ala Gly Val Pro Gly Glu Ala Glu Gln Pro Ala

20	25	30
Pro Glu Leu Val Glu Val Glu Val Gly Ser Thr Ala Leu Leu Lys Cys		
35	40	45
Gly Leu Ser Gln Ser Gln Gly Asn Leu Ser His Val Asp Trp Phe Ser		
50	55	60
Val His Lys Gln Lys Arg Thr Leu Ile Phe Arg Val Arg Gln Gly Gln		
65	70	75
Gly Gln Ser Glu Pro Gly Glu Tyr Glu Gln Arg Leu Ser Leu Gln Asp		
85	90	95
Arg Gly Ala Thr Leu Ala Leu Thr Gln Val Thr Pro Gln Asp Glu Arg		
100	105	110
Ile Phe Leu Cys Gln Gly Lys Arg Pro Arg Ser Gln Glu Tyr Arg Ile		
115	120	125
Gln Leu Arg Val Tyr Lys Ala Pro Glu Glu Pro Asn Ile Gln Val Asn		
130	135	140
Pro Leu Gly Ile Pro Val Asn Ser Lys Glu Pro Glu Glu Val Ala Thr		
145	150	155
Cys Val Gly Arg Asn Gly Tyr Pro Ile Pro Gln Val Ile Trp Tyr Lys		
165	170	175
Asn Gly Arg Pro Leu Lys Glu Glu Lys Asn Arg Val His Ile Gln Ser		
180	185	190
Ser Gln Thr Val Glu Ser Ser Gly Leu Tyr Thr Leu Gln Ser Ile Leu		
195	200	205
Lys Ala Gln Leu Val Lys Glu Asp Lys Asp Ala Gln Phe Tyr Cys Glu		
210	215	220
Leu Asn Tyr Arg Leu Pro Ser Gly Asn His Met Lys Glu Ser Arg Glu		
225	230	235
Val Thr Val Pro Val Phe Tyr Pro Thr Glu Lys Val Trp Leu Glu Val		
245	250	255

Glu Pro Val Gly Met Leu Lys Glu Gly Asp Arg Val Glu Ile Arg Cys
 260 265 270
 Leu Ala Asp Gly Asn Pro Pro Pro His Phe Ser Ile Ser Lys Gln Asn
 275 280 285
 Pro Ser Thr Arg Glu Ala Glu Glu Glu Thr Thr Asn Asp Asn Gly Val
 290 295 300
 Leu Val Leu Glu Pro Ala Arg Lys Glu His Ser Gly Arg Tyr Glu Cys
 305 310 315 320
 Gln Ala Trp Asn Leu Asp Thr Met Ile Ser Leu Leu Ser Glu Pro Gln
 325 330 335
 Glu Leu Leu Val Asn Tyr Val Ser Asp Val Arg Val Ser Pro Ala Ala
 340 345 350
 Pro Glu Arg Gln Glu Gly Ser Ser Leu Thr Leu Thr Cys Glu Ala Glu
 355 360 365
 Ser Ser Gln Asp Leu Glu Phe Gln Trp Leu Arg Glu Glu Thr Asp Gln
 370 375 380
 Val Leu Glu Arg Gly Pro Val Leu Gln Leu His Asp Leu Lys Arg Glu
 385 390 395 400
 Ala Gly Gly Gly Tyr Arg Cys Val Ala Ser Val Pro Ser Ile Pro Gly
 405 410 415
 Leu Asn Arg Thr Gln Leu Val Lys Leu Ala Ile Phe Gly Pro Pro Trp
 420 425 430
 Met Ala Phe Lys Glu Arg Lys Val Trp Val Lys Glu Asn Met Val Leu
 435 440 445
 Asn Leu Ser Cys Glu Ala Ser Gly His Pro Arg Pro Thr Ile Ser Trp
 450 455 460
 Asn Val Asn Gly Thr Ala Ser Glu Gln Asp Gln Asp Pro Gln Arg Val
 465 470 475 480
 Leu Ser Thr Leu Asn Val Leu Val Thr Pro Glu Leu Leu Glu Thr Gly

485	490	495
Val Glu Cys Thr Ala Ser Asn Asp Leu Gly Lys Asn Thr Ser Ile Leu		
500	505	510
Phe Leu Glu Leu Val Asn Leu Thr Thr Leu Thr Pro Asp Ser Asn Thr		
515	520	525
Thr Thr Gly Leu Ser Thr Ser Thr Ala Ser Pro His Thr Arg Ala Asn		
530	535	540
Ser Thr Ser Thr Glu Arg Lys Leu Pro Glu Pro Glu Ser Arg Gly Val		
545	550	555
Val Ile Val Ala Val Ile Val Cys Ile Leu Val Leu Ala Val Leu Gly		
565	570	575
Ala Val Leu Tyr Phe Leu Tyr Lys Lys Gly Lys Leu Pro Cys Arg Arg		
580	585	590
Ser Gly Lys Gln Glu Ile Thr Leu Pro Pro Ser Arg Lys Thr Glu Leu		
595	600	605
Val Val Glu Val Lys Ser Asp Lys Leu Pro Glu Glu Met Gly Leu Leu		
610	615	620
Gln Gly Ser Ser Gly Asp Lys Arg Ala Pro Gly Asp Gln Gly Glu Lys		
625	630	635
Tyr Ile Asp Leu Arg His		
645		

【 0 4 2 2 】

<210> 97

<211> 1642

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (158)..(1279)

<400> 97

```

gaatcggcgg tccgcaggt cccgatgtt gcggacagta tgaggcaagc gcagggggac 60
ggggaccagc agctgtcgcc gccgtctca gggatgaagag ggaacagaaa tctttgcccc 120
ctgactttgg aaatctcggt taaccttcaa actggcg atg tca agg gtt cca agt 175
                                     Met Ser Arg Val Pro Ser
                                     1             5
cct cca cct ccg gca gaa atg tcg agt ggc ccc gta gct gag agt tgg 223
Pro Pro Pro Pro Ala Glu Met Ser Ser Gly Pro Val Ala Glu Ser Trp
          10             15             20
tgc tac aca cag atc aag gta gtg aaa ttc tcc tac atg tgg acc atc 271
Cys Tyr Thr Gln Ile Lys Val Val Lys Phe Ser Tyr Met Trp Thr Ile
          25             30             35
aat aac ttt agc ttt tgc cgg gag gaa atg ggt gaa gtc att aaa agt 319
Asn Asn Phe Ser Phe Cys Arg Glu Glu Met Gly Glu Val Ile Lys Ser
          40             45             50
tct aca ttt tca tca gga gca aat gat aaa ctg aaa tgg tgt ttg cga 367
Ser Thr Phe Ser Ser Gly Ala Asn Asp Lys Leu Lys Trp Cys Leu Arg
          55             60             65             70
gta aac ccc aaa ggg tta gat gaa gaa agc aaa gat tac ctg tca ctt 415
Val Asn Pro Lys Gly Leu Asp Glu Glu Ser Lys Asp Tyr Leu Ser Leu
          75             80             85
tac ctg tta ctg gtc agc tgt cca aag agt gaa gtt cgg gca aaa ttc 463
Tyr Leu Leu Leu Val Ser Cys Pro Lys Ser Glu Val Arg Ala Lys Phe
          90             95             100
aaa ttc tcc atc ctg aat gcc aag gga gaa gaa acc aaa gct atg gag 511
Lys Phe Ser Ile Leu Asn Ala Lys Gly Glu Glu Thr Lys Ala Met Glu
          105             110             115
agt caa cgg gca tat agg ttt gtg caa ggc aaa gac tgg gga ttc aag 559
Ser Gln Arg Ala Tyr Arg Phe Val Gln Gly Lys Asp Trp Gly Phe Lys

```

120	125	130	
aaa ttc atc cgt aga gat ttt ctt ttg gat gag gcc aac ggg ctt ctc			607
Lys Phe Ile Arg Arg Asp Phe Leu Leu Asp Glu Ala Asn Gly Leu Leu			
135	140	145	150
cct gat gac aag ctt acc ctc ttc tgc gag gtg agt gtt gtg caa gat			655
Pro Asj Asj Lys Leu Thr Leu Phe Cys Glu Val Ser Val Val Gln Asp			
	155	160	165
tct gtc aac att tct ggc cag aat acc atg aac atg gta aag gtt cct			703
Ser Val Asn Ile Ser Gly Gln Asn Thr Met Asn Met Val Lys Val Pro			
	170	175	180
gag tgc cgg ctg gca gat gag tta gga gga ctg tgg gag aat tcc cgg			751
Glu Cys Arg Leu Ala Asp Glu Leu Gly Gly Leu Trp Glu Asn Ser Arg			
	185	190	195
ttc aca gac tgc tgc ttg tgt gtt gcc ggc cag gaa ttc cag gct cac			799
Phe Thr Asp Cys Cys Leu Cys Val Ala Gly Gln Glu Phe Gln Ala His			
	200	205	210
aag gct atc tta gca gct cgt tct ccg gtt ttt agt gcc atg ttt gaa			847
Lys Ala Ile Leu Ala Ala Arg Ser Pro Val Phe Ser Ala Met Phe Glu			
215	220	225	230
cat gaa atg gag gag agc aaa aag aat cga gtt gaa atc aat gat gtg			895
His Glu Met Glu Glu Ser Lys Lys Asn Arg Val Glu Ile Asn Asp Val			
	235	240	245
gag cct gaa gtt ttt aag gaa atg atg tgc ttc att tac acg ggg aag			943
Glu Pro Glu Val Phe Lys Glu Met Met Cys Phe Ile Tyr Thr Gly Lys			
	250	255	260
gct cca aac ctc gac aaa atg gct gat gat ttg ctg gca gct gct gac			991
Ala Pro Asn Leu Asp Lys Met Ala Asp Asp Leu Leu Ala Ala Ala Asp			
	265	270	275
aag tat gcc ctg gag cgc tta aag gtc atg tgt gag gat gcc ctc tgc			1039

Lys Tyr Ala Leu Glu Arg Leu Lys Val Met Cys Glu Asp Ala Leu Cys
 280 285 290
 agt aac ctg tcc gtg gag aac gct gca gaa att ctc atc ctg gcc gac 1087
 Ser Asn Leu Ser Val Glu Asn Ala Ala Glu Ile Leu Ile Leu Ala Asp
 295 300 305 310
 ctc cac agt gca gat cag ttg aaa act cag gca gtg gat ttc atc aac 1135
 Leu His Ser Ala Asp Gln Leu Lys Thr Gln Ala Val Asp Phe Ile Asn
 315 320 325
 tat cat gct tcg gat gtc ttg gag acc tct ggg tgg aag tca atg gtg 1183
 Tyr His Ala Ser Asp Val Leu Glu Thr Ser Gly Trp Lys Ser Met Val
 330 335 340
 gtg tca cat ccc cac ttg gtg gct gag gca tac cgc tct ctg gct tca 1231
 Val Ser His Pro His Leu Val Ala Glu Ala Tyr Arg Ser Leu Ala Ser
 345 350 355
 gca cag tgc cct ttt ctg gga ccc cca cgc aaa cgc ctg aag caa tcc 1279
 Ala Gln Cys Pro Phe Leu Gly Pro Pro Arg Lys Arg Leu Lys Gln Ser
 360 365 370
 taagatcctg ctgtgtgtaa gactccgttt aatttccaga agcagcagcc actgttgctg 1339
 ccactgacca ccaggtagac agcgcaatct gtggagcttt tactctgttg tgaggggaag 1399
 agactgcatt gtggccccag acttttaaaa cagcactaaa taacttgggg gaaacggggg 1459
 gagggaaaat gaaatgaaaa ccctgttgct gcgtcactgt gttccctttg gcctgtctga 1519
 gtttgatact gtggggattc agtttaggcg ctggcccag gatatcccag cggttggtact 1579
 tcggagacac ctgtctgcat ctgactgagc agaacaaatc gtcaggtgcc tggagcaaaa 1639
 agg 1642

【0 4 2 3】

<210> 98

<211> 374

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 98

Met	Ser	Arg	Val	Pro	Ser	Pro	Pro	Pro	Pro	Ala	Glu	Met	Ser	Ser	Gly
1				5					10					15	
Pro	Val	Ala	Glu	Ser	Trp	Cys	Tyr	Thr	Gln	Ile	Lys	Val	Val	Lys	Phe
			20					25						30	
Ser	Tyr	Met	Trp	Thr	Ile	Asn	Asn	Phe	Ser	Phe	Cys	Arg	Glu	Glu	Met
		35					40					45			
Gly	Glu	Val	Ile	Lys	Ser	Ser	Thr	Phe	Ser	Ser	Gly	Ala	Asn	Asp	Lys
		50				55					60				
Leu	Lys	Trp	Cys	Leu	Arg	Val	Asn	Pro	Lys	Gly	Leu	Asp	Glu	Glu	Ser
	65				70					75					80
Lys	Asp	Tyr	Leu	Ser	Leu	Tyr	Leu	Leu	Leu	Val	Ser	Cys	Pro	Lys	Ser
			85						90						95
Glu	Val	Arg	Ala	Lys	Phe	Lys	Phe	Ser	Ile	Leu	Asn	Ala	Lys	Gly	Glu
		100							105					110	
Glu	Thr	Lys	Ala	Met	Glu	Ser	Gln	Arg	Ala	Tyr	Arg	Phe	Val	Gln	Gly
		115					120					125			
Lys	Asp	Trp	Gly	Phe	Lys	Lys	Phe	Ile	Arg	Arg	Asp	Phe	Leu	Leu	Asp
	130					135					140				
Glu	Ala	Asn	Gly	Leu	Leu	Pro	Asp	Asp	Lys	Leu	Thr	Leu	Phe	Cys	Glu
	145				150					155					160
Val	Ser	Val	Val	Gln	Asp	Ser	Val	Asn	Ile	Ser	Gly	Gln	Asn	Thr	Met
				165					170					175	
Asn	Met	Val	Lys	Val	Pro	Glu	Cys	Arg	Leu	Ala	Asp	Glu	Leu	Gly	Gly
		180						185					190		
Leu	Trp	Glu	Asn	Ser	Arg	Phe	Thr	Asp	Cys	Cys	Leu	Cys	Val	Ala	Gly
		195					200					205			
Gln	Glu	Phe	Gln	Ala	His	Lys	Ala	Ile	Leu	Ala	Ala	Arg	Ser	Pro	Val
	210						215					220			

Phe Ser Ala Met Phe Glu His Glu Met Glu Glu Ser Lys Lys Asn Arg
 225 230 235 240
 Val Glu Ile Asn Asp Val Glu Pro Glu Val Phe Lys Glu Met Met Cys
 245 250 255
 Phe Ile Tyr Thr Gly Lys Ala Pro Asn Leu Asn Lys Met Ala Asp Asp
 260 265 270
 Leu Leu Ala Ala Ala Asp Lys Tyr Ala Leu Glu Arg Leu Lys Val Met
 275 280 285
 Cys Glu Asp Ala Leu Cys Ser Asn Leu Ser Val Glu Asn Ala Ala Glu
 290 295 300
 Ile Leu Ile Leu Ala Asp Leu His Ser Ala Asp Gln Leu Lys Thr Gln
 305 310 315 320
 Ala Val Asp Phe Ile Asn Tyr His Ala Ser Asp Val Leu Glu Thr Ser
 325 330 335
 Gly Trp Lys Ser Met Val Val Ser His Pro His Leu Val Ala Glu Ala
 340 345 350
 Tyr Arg Ser Leu Ala Ser Ala Gln Cys Pro Phe Leu Gly Pro Pro Arg
 355 360 365
 Lys Arg Leu Lys Gln Ser
 370

[0 4 2 4]

<210> 99

<211> 5722

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (112)..(3621)

<400> 99

ggacgcacag gcattccccg cgccccctcca gccctcgccg ccctcgccac cgctccccggc 60
 cgccgcgctc cggtacacac aggatccctg ctgggcacca acagctccac c atg ggg 117
 Met Gly
 1
 ctg gcc tgg gga cta ggc gtc ctg ttc ctg atg cat gtg tgt ggc acc 165
 Leu Ala Trp Gly Leu Gly Val Leu Phe Leu Met His Val Cys Gly Thr
 5 10 15
 aac cgc att cca gag tct ggc gga gac aac agc gtg ttt gac atc ttt 213
 Asn Arg Ile Pro Glu Ser Gly Gly Asp Asn Ser Val Phe Asp Ile Phe
 20 25 30
 gaa ctc acc ggg gcc gcc cgc aag ggg tct ggg cgc cga ctg gtg aag 261
 Glu Leu Thr Gly Ala Ala Arg Lys Gly Ser Gly Arg Arg Leu Val Lys
 35 40 45 50
 ggc ccc gac cct tcc agc cca gct ttc cgc atc gag gat gcc aac ctg 309
 Gly Pro Asp Pro Ser Ser Pro Ala Phe Arg Ile Glu Asp Ala Asn Leu
 55 60 65
 atc ccc cct gtg cct gat gac aag ttc caa gac ctg gtg gat gct gtg 357
 Ile Pro Pro Val Pro Asp Asp Lys Phe Gln Asp Leu Val Asp Ala Val
 70 75 80
 cgg gca gaa aag ggt ttc ctc ctt ctg gca tcc ctg agg cag atg aag 405
 Arg Ala Glu Lys Gly Phe Leu Leu Leu Ala Ser Leu Arg Gln Met Lys
 85 90 95
 aag acc cgg ggc acg ctg ctg gcc ctg gag cgg aaa gac cac tct ggc 453
 Lys Thr Arg Gly Thr Leu Leu Ala Leu Glu Arg Lys Asp His Ser Gly
 100 105 110
 cag gtc ttc agc gtg gtg tcc aat ggc aag gcg ggc acc ctg gac ctc 501
 Gln Val Phe Ser Val Val Ser Asn Gly Lys Ala Gly Thr Leu Asp Leu
 115 120 125 130
 agc ctg acc gtc caa gga aag cag cac gtg gtg tct gtg gaa gaa gct 549

Ser Leu Thr Val Gln Gly Lys Gln His Val Val Ser Val Glu Glu Ala
135 140 145
ctc ctg gca acc ggc cag tgg aag agc atc acc ctg ttt gtg cag gaa 597
Leu Leu Ala Thr Gly Gln Trp Lys Ser Ile Thr Leu Phe Val Gln Glu
150 155 160
gac agg gcc cag ctg tac atc gac tgt gaa aag atg gag aat gct gag 645
Asp Arg Ala Gln Leu Tyr Ile Asp Cys Glu Lys Met Glu Asn Ala Glu
165 170 175
ttg gac gtc ccc atc caa agc gtc ttc acc aga gac ctg gcc agc atc 693
Leu Asp Val Pro Ile Gln Ser Val Phe Thr Arg Asp Leu Ala Ser Ile
180 185 190
gcc aga ctc cgc atc gca aag ggg ggc gtc aat gac aat ttc cag ggg 741
Ala Arg Leu Arg Ile Ala Lys Gly Gly Val Asn Asp Asn Phe Gln Gly
195 200 205 210
gtg ctg cag aat gtg agg ttt gtc ttt gga acc aca cca gaa gac atc 789
Val Leu Gln Asn Val Arg Phe Val Phe Gly Thr Thr Pro Glu Asp Ile
215 220 225
ctc agg aac aaa ggc tgc tcc agc tct acc agt gtc ctc ctc acc ctt 837
Leu Arg Asn Lys Gly Cys Ser Ser Ser Thr Ser Val Leu Leu Thr Leu
230 235 240
gac aac aac gtg gtg aat ggt tcc agc cct gcc atc cgc act aac tac 885
Asp Asn Asn Val Val Asn Gly Ser Ser Pro Ala Ile Arg Thr Asn Tyr
245 250 255
att ggc cac aag aca aag gac ttg caa gcc atc tgc ggc atc tcc tgt 933
Ile Gly His Lys Thr Lys Asp Leu Gln Ala Ile Cys Gly Ile Ser Cys
260 265 270
gat gag ctg tcc agc atg gtc ctg gaa ctc agg ggc ctg cgc acc att 981
Asp Glu Leu Ser Ser Met Val Leu Glu Leu Arg Gly Leu Arg Thr Ile
275 280 285 290

gtg acc acg ctg cag gac agc atc cgc aaa gtg act gaa gag aac aaa	1029
Val Thr Thr Leu Gln Asp Ser Ile Arg Lys Val Thr Glu Glu Asn Lys	
295 300 305	
gag ttg gcc aat gag ctg agg cgg cct ccc cta tgc tat cac aac gga	1077
Glu Leu Ala Asn Glu Leu Arg Arg Pro Pro Leu Cys Tyr His Asn Gly	
310 315 320	
gtt cag tac aga aat aac gag gaa tgg act gtt gat agc tgc act gag	1125
Val Gln Tyr Arg Asn Asn Glu Glu Trp Thr Val Asp Ser Cys Thr Glu	
325 330 335	
tgt cac tgt cag aac tca gtt acc atc tgc aaa aag gtg tcc tgc ccc	1173
Cys His Cys Gln Asn Ser Val Thr Ile Cys Lys Lys Val Ser Cys Pro	
340 345 350	
atc atg ccc tgc tcc aat gcc aca gtt cct gat gga gaa tgc tgt cct	1221
Ile Met Pro Cys Ser Asn Ala Thr Val Pro Asp Gly Glu Cys Cys Pro	
355 360 365 370	
cgc tgt tgg ccc agc gac tct gcg gac gat ggc tgg tct cca tgg tcc	1269
Arg Cys Trp Pro Ser Asp Ser Ala Asp Asp Gly Trp Ser Pro Trp Ser	
375 380 385	
gag tgg acc tcc tgt tct acg agc tgt ggc aat gga att cag cag cgc	1317
Glu Trp Thr Ser Cys Ser Thr Ser Cys Gly Asn Gly Ile Gln Gln Arg	
390 395 400	
ggc cgc tcc tgc gat agc ctc aac aac cga tgt gag ggc tcc tcg gtc	1365
Gly Arg Ser Cys Asp Ser Leu Asn Asn Arg Cys Glu Gly Ser Ser Val	
405 410 415	
cag aca cgg acc tgc cac att cag gag tgt gac aaa aga ttt aaa cag	1413
Gln Thr Arg Thr Cys His Ile Gln Glu Cys Asp Lys Arg Phe Lys Gln	
420 425 430	
gat ggt ggc tgg agc cac tgg tcc ccg tgg tca tct tgt tct gtg aca	1461
Asp Gly Gly Trp Ser His Trp Ser Pro Trp Ser Ser Cys Ser Val Thr	

435	440	445	450	
tgt ggt gat ggt gtg atc aca agg atc cgg ctc tgc aac tct ccc agc	1509			
Cys Gly Asp Gly Val Ile Thr Arg Ile Arg Leu Cys Asn Ser Pro Ser				
455	460	465		
ccg cag atg aat ggt aac ccc tgt gaa ggc gaa ggc cgg gag acc aaa	1557			
Pro Gln Met Asn Gly Lys Pro Cys Glu Gly Glu Ala Arg Glu Thr Lys				
470	475	480		
gcc tgc aag aaa gac gcc tgc ccc atc aat gga ggc tgg ggt cct tgg	1605			
Ala Cys Lys Lys Asp Ala Cys Pro Ile Asn Gly Gly Trp Gly Pro Trp				
485	490	495		
tca cca tgg gac atc tgt tct gtc acc tgt gga gga ggg gta cag aaa	1653			
Ser Pro Trp Asp Ile Cys Ser Val Thr Cys Gly Gly Gly Val Gln Lys				
500	505	510		
cgt agt cgt ctc tgc aac aac ccc gca ccc cag ttt gga ggc aag gac	1701			
Arg Ser Arg Leu Cys Asn Asn Pro Ala Pro Gln Phe Gly Gly Lys Asp				
515	520	525	530	
tgc gtt ggt gat gta aca gaa aac cag atc tgc aac aag cag gac tgt	1749			
Cys Val Gly Asp Val Thr Glu Asn Gln Ile Cys Asn Lys Gln Asp Cys				
535	540	545		
cca att gat gga tgc ctg tcc aat ccc tgc ttt gcc ggc gtg aag tgt	1797			
Pro Ile Asp Gly Cys Leu Ser Asn Pro Cys Phe Ala Gly Val Lys Cys				
550	555	560		
act agc tac cct gat ggc agc tgg aaa tgt ggt gct tgt ccc cct ggt	1845			
Thr Ser Tyr Pro Asp Gly Ser Trp Lys Cys Gly Ala Cys Pro Pro Gly				
565	570	575		
tac agt gga aat ggc atc cag tgc aca gat gtt gat gag tgc aaa gaa	1893			
Tyr Ser Gly Asn Gly Ile Gln Cys Thr Asp Val Asp Glu Cys Lys Glu				
580	585	590		
gtg cct gat gcc tgc ttc aac cac aat gga gag cac cgg tgt gag aac	1941			

cca ttc cat tac aac cca gct cag tat gac tat gac aga gat gat gtg 2421
 Pro Phe His Tyr Asn Pro Ala Gln Tyr Asp Tyr Asp Arg Asp Asp Val
 755 760 765 770
 gga gac cgc tgt gac aac tgt ccc tac aac cac aac cca gat cag gca 2469
 Gly Asp Ala Cys Asp Asp Cys Pro Tyr Asn His Asn Pro Asp Gln Ala
 775 780 785
 gac aca gac aac aat ggg gaa gga gac gcc tgt gct gca gac att gat 2517
 Asp Thr Asp Asn Asn Gly Glu Gly Asp Ala Cys Ala Ala Asp Ile Asp
 790 795 800
 gga gac ggt atc ctc aat gaa cgg gac aac tgc cag tac gtc tac aat 2565
 Gly Asp Gly Ile Leu Asn Glu Arg Asp Asn Cys Gln Tyr Val Tyr Asn
 805 810 815
 gtg gac cag aga gac act gat atg gat ggg gtt gga gat cag tgt gac 2613
 Val Asp Gln Arg Asp Thr Asp Met Asp Gly Val Gly Asp Gln Cys Asp
 820 825 830
 aat tgc ccc ttg gaa cac aat ccg gat cag ctg gac tct gac tca gac 2661
 Asn Cys Pro Leu Glu His Asn Pro Asp Gln Leu Asp Ser Asp Ser Asp
 835 840 845 850
 cgc att gga gat acc tgt gac aac aat cag gat att gat gaa gat ggc 2709
 Arg Ile Gly Asp Thr Cys Asp Asn Asn Gln Asp Ile Asp Glu Asp Gly
 855 860 865
 cac cag aac aat ctg gac aac tgt ccc tat gtg ccc aat gcc aac cag 2757
 His Gln Asn Asn Leu Asp Asn Cys Pro Tyr Val Pro Asn Ala Asn Gln
 870 875 880
 gct gac cat gac aaa gat ggc aag gga gat gcc tgt gac cac gat gat 2805
 Ala Asp His Asp Lys Asp Gly Lys Gly Asp Ala Cys Asp His Asp Asp
 885 890 895
 gac aac gat ggc att cct gat gac aag gac aac tgc aga ctc gtg ccc 2853
 Asp Asn Asp Gly Ile Pro Asp Asp Lys Asp Asn Cys Arg Leu Val Pro

900	905	910	
aat ccc gac cag aag gac tct gac ggc gat ggt cga ggt gat gcc tgc			2901
Asn Pro Asp Gln Lys Asp Ser Asp Gly Asp Gly Arg Gly Asp Ala Cys			
915	920	925	930
aaa gat gat ttt gac cat gac agt gtg cca gac atc gat gac atc tgt			2949
Lys Asp Asp Phe Asp His Asp Ser Val Pro Asp Ile Asp Asp Ile Cys			
935	940	945	
cct gag aat gtt gac atc agt gag acc gat ttc cgc cga ttc cag atg			2997
Pro Glu Asn Val Asp Ile Ser Glu Thr Asp Phe Arg Arg Phe Gln Met			
950	955	960	
att cct ctg gac ccc aaa ggg aca tcc caa aat gac cct aac tgg gtt			3045
Ile Pro Leu Asp Pro Lys Gly Thr Ser Gln Asn Asp Pro Asn Trp Val			
965	970	975	
gta cgc cat cag ggt aaa gaa ctc gtc cag act gtc aac tgt gat cct			3093
Val Arg His Gln Gly Lys Glu Leu Val Gln Thr Val Asn Cys Asp Pro			
980	985	990	
gga ctc gct gta ggt tat gat gag ttt aat gct gtg gac ttc agt ggc			3141
Gly Leu Ala Val Gly Tyr Asp Glu Phe Asn Ala Val Asp Phe Ser Gly			
995	1000	1005	1010
acc ttc ttc atc aac acc gaa agg gac gat gac tat gct gga ttt gtc			3189
Thr Phe Phe Ile Asn Thr Glu Arg Asp Asp Asp Tyr Ala Gly Phe Val			
1015	1020	1025	
ttt ggc tac cag tcc agc agc cgc ttt tat gtt gtg atg tgg aag caa			3237
Phe Gly Tyr Gln Ser Ser Ser Arg Phe Tyr Val Val Met Trp Lys Gln			
1030	1035	1040	
gtc acc cag tcc tac tgg gac acc aac ccc acg agg gct cag gga tac			3285
Val Thr Gln Ser Tyr Trp Asp Thr Asn Pr Thr Arg Ala Gln Gly Tyr			
1045	1050	1055	
tcg ggc ctt tct gtg aaa gtt gta aac tcc acc aca ggg cct ggc gag			3333

Ser Gly Leu Ser Val Lys Val Val Asn Ser Thr Thr Gly Pro Gly Glu

1060

1065

1070

cac ctg cgg aac gcc ctg tgg cac aca gga aac acc cct ggc cag gtg 3381

His Leu Arg Asn Ala Leu Trp His Thr Gly Asn Thr Pro Gly Gln Val

1075

1080

1085

1090

cgc acc ctg tgg cat gac cct cgt cac ata ggc tgg aaa gat ttc acc 3429

Arg Thr Leu Trp His Asp Pro Arg His Ile Gly Trp Lys Asp Phe Thr

1095

1100

1105

gcc tac aga tgg cgt ctc agc cac agg cca aag acg ggt ttc att aga 3477

Ala Tyr Arg Trp Arg Leu Ser His Arg Pro Lys Thr Gly Phe Ile Arg

1110

1115

1120

gtg gtg atg tat gaa ggg aag aaa atc atg gct gac tca gga ccc atc 3525

Val Val Met Tyr Glu Gly Lys Lys Ile Met Ala Asp Ser Gly Pro Ile

1125

1130

1135

tat gat aaa acc tat gct ggt ggt aga cta ggg ttg ttt gtc ttc tct 3573

Tyr Asp Lys Thr Tyr Ala Gly Gly Arg Leu Gly Leu Phe Val Phe Ser

1140

1145

1150

caa gaa atg gtg ttc ttc tct gac ctg aaa tac gaa tgt aga gat ccc 3621

Gln Glu Met Val Phe Phe Ser Asp Leu Lys Tyr Glu Cys Arg Asp Pro

1155

1160

1165

1170

taatcatcaa attgttgatt gaaagactga tcataaacca atgctggtat tgcaccttct 3681

ggaactatgg gcttgagaaa acccccagga tcacttctcc ttggttccct tcttttctgt 3741

gcttgcatca gtgtggactc ctagaacgtg cgacctgcct caagaaaatg cagttttcaa 3801

aaacagactc atcagcattc agccccaat gaataagaca tcttccaagc atataaacia 3861

ttgcttttgt ttccttttga aaaagcatct acttgcttca gttgggaagg tgcccatgcc 3921

actctgcctt tgtcacagag cagggtgcta ttgtgaggcc atctctgagc agtggactca 3981

aaagcatttt caggcatgtc agagaaggga ggactcacta gaattagcaa acaaaaccac 4041

cctgacatcc tccttcagga acacggggag cagaggccaa agcactaagg ggagggcgca 4101

tacccgagac gattgtatga agaaaatatg gaggaactgt tacatgttcg gtactaagtc 4161

attttcaggg gattgaaaga ctattgctgg atttcatgat gctgactggc gttagctgat 4221
 taacccatgt aaataggcac tttaaataga gcaggaaagg gagacaaaga ctggcttctg 4281
 gacttccctcc ctgatcccca cccctactca tcaccttgca gtggccagaa ttagggaatc 4341
 agaatcaaac cagtgtagg cagtgcctggc tgccattgcc tggtcacatt gaaattgggtg 4401
 gcttcatctt agatgtagct tgtgcagatg tagcaggaaa ataggaaaac ctaccatctc 4461
 agtgagcacc agctgcctcc caaaggaggg gcagccgtgc ttatatitit atggttacaa 4521
 tggcacaaaa ttattatcaa cctaactaaa acattccttt tctctttttt ccgtaattac 4581
 taggtagttt tctaattctc tcttttggaa gtatgatttt tttaaagtct ttacgatgta 4641
 aaatatitit tttttactta ttctggaaga tctggctgaa ggattattca tggaacagga 4701
 agaagcgtaa agactatcca tgtcatcttt gttgagagtc ttcgtgactg taagattgta 4761
 aatacagatt atttattaac tctgttctgc ctggaaattt aggcttcata cggaaagtgt 4821
 ttgagagcaa gtagttgaca ttatcagca aatctcttgc aagaacagca caaggaaaat 4881
 cagtctaata agctgctctg ccccttgtgc tcagagtgga tgttatggga ttcctttttt 4941
 ctctgtttta tcttttcaag tggaattagt tggttatcca tttgcaaag ttttaaattg 5001
 caaagaaagc catgaggtct tcaatactgt tttaccccat cccttgtgca tatttccagg 5061
 gagaaggaaa gcatatacac ttttttcttt catttttcca aaagagaaaa aaatgacaaa 5121
 aggtgaaact tacatacaaa tattacctca tttgttgtgt gactgagtaa agaatttttg 5181
 gatcaagcgg aaagagttaa agtgtctaac aaacttaaag ctactgtagt acctaaaaag 5241
 tcagtgttgt acatagcata aaaactctgc agagaagtat tccaataag gaaatagcat 5301
 tgaaatgta aatacaattt ctgaaagtta tgtttttttt ctatcatctg gtataccatt 5361
 gctttatttt tataaattat tttctcattg ccattggaat agaattattca gattgtgtag 5421
 atatgctatt taaataattt atcaggaaat actgcctgta gagttagtat ttctattttt 5481
 atataatgtt tgcacactga attgaagaat tgttggtttt ttcttttttt tgtttttttt 5541
 tttttttttt ttttttttgc ttttgacctc ccatttttac tatttgccaa tacctttttc 5601
 taggaatgtg cttttttttg tacacatttt tatccatttt acattctaaa gcagtgtgaa 5661
 ttgtatatta ctgtttctta tgtacaagga acaacaataa atcatatgga aatttatatt 5721
 t 5722

【 0 4 2 5 】

<210> 100

<211> 1170

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 100

Met Gly Leu Ala Trp Gly Leu Gly Val Leu Phe Leu Met His Val Cys
1 5 10 15
Gly Thr Asn Arg Ile Pro Glu Ser Gly Gly Asp Asn Ser Val Phe Asp
20 25 30
Ile Phe Glu Leu Thr Gly Ala Ala Arg Lys Gly Ser Gly Arg Arg Leu
35 40 45
Val Lys Gly Pro Asp Pro Ser Ser Pro Ala Phe Arg Ile Glu Asp Ala
50 55 60
Asn Leu Ile Pro Pro Val Pro Asp Asp Lys Phe Gln Asp Leu Val Asp
65 70 75 80
Ala Val Arg Ala Glu Lys Gly Phe Leu Leu Leu Ala Ser Leu Arg Gln
85 90 95
Met Lys Lys Thr Arg Gly Thr Leu Leu Ala Leu Glu Arg Lys Asp His
100 105 110
Ser Gly Gln Val Phe Ser Val Val Ser Asn Gly Lys Ala Gly Thr Leu
115 120 125
Asp Leu Ser Leu Thr Val Gln Gly Lys Gln His Val Val Ser Val Glu
130 135 140
Glu Ala Leu Leu Ala Thr Gly Gln Trp Lys Ser Ile Thr Leu Phe Val
145 150 155 160
Gln Glu Asp Arg Ala Gln Leu Tyr Ile Asp Cys Glu Lys Met Glu Asn
165 170 175
Ala Glu Leu Asp Val Pro Ile Gln Ser Val Phe Thr Arg Asp Leu Ala
180 185 190
Ser Ile Ala Arg Leu Arg Ile Ala Lys Gly Gly Val Asn Asp Asn Phe

195	200	205
Gln Gly Val Leu Gln Asn Val Arg Phe Val Phe Gly Thr Thr Pro Glu		
210	215	220
Asp Ile Leu Arg Asn Lys Gly Cys Ser Ser Ser Thr Ser Val Leu Leu		
225	230	235
Thr Leu Asp Asn Asn Val Val Asn Gly Ser Ser Pro Ala Ile Arg Thr		
245	250	255
Asn Tyr Ile Gly His Lys Thr Lys Asp Leu Gln Ala Ile Cys Gly Ile		
260	265	270
Ser Cys Asp Glu Leu Ser Ser Met Val Leu Glu Leu Arg Gly Leu Arg		
275	280	285
Thr Ile Val Thr Thr Leu Gln Asp Ser Ile Arg Lys Val Thr Glu Glu		
290	295	300
Asn Lys Glu Leu Ala Asn Glu Leu Arg Arg Pro Pro Leu Cys Tyr His		
305	310	315
Asn Gly Val Gln Tyr Arg Asn Asn Glu Glu Trp Thr Val Asp Ser Cys		
325	330	335
Thr Glu Cys His Cys Gln Asn Ser Val Thr Ile Cys Lys Lys Val Ser		
340	345	350
Cys Pro Ile Met Pro Cys Ser Asn Ala Thr Val Pro Asp Gly Glu Cys		
355	360	365
Cys Pro Arg Cys Trp Pro Ser Asp Ser Ala Asp Asp Gly Trp Ser Pro		
370	375	380
Trp Ser Glu Trp Thr Ser Cys Ser Thr Ser Cys Gly Asn Gly Ile Gln		
385	390	395
Gln Arg Gly Arg Ser Cys Asp Ser Leu Asn Asn Arg Cys Glu Gly Ser		
405	410	415
Ser Val Gln Thr Arg Thr Cys His Ile Gln Glu Cys Asp Lys Arg Phe		
420	425	430

Lys	Gln	Asp	Gly	Gly	Trp	Ser	His	Trp	Ser	Pro	Trp	Ser	Ser	Cys	Ser
435				440				445							
Val	Thr	Cys	Gly	Asp	Gly	Val	Ile	Thr	Arg	Ile	Arg	Leu	Cys	Asn	Ser
450				455				460							
Pro	Ser	Pro	Gln	Met	Asn	Gly	Lys	Pro	Cys	Glu	Gly	Glu	Ala	Arg	Glu
465				470				475				480			
Thr	Lys	Ala	Cys	Lys	Lys	Asp	Ala	Cys	Pro	Ile	Asn	Gly	Gly	Trp	Gly
485				490				495							
Pro	Trp	Ser	Pro	Trp	Asp	Ile	Cys	Ser	Val	Thr	Cys	Gly	Gly	Gly	Val
500				505				510							
Gln	Lys	Arg	Ser	Arg	Leu	Cys	Asn	Asn	Pro	Ala	Pro	Gln	Phe	Gly	Gly
515				520				525							
Lys	Asp	Cys	Val	Gly	Asp	Val	Thr	Glu	Asn	Gln	Ile	Cys	Asn	Lys	Gln
530				535				540							
Asp	Cys	Pro	Ile	Asp	Gly	Cys	Leu	Ser	Asn	Pro	Cys	Phe	Ala	Gly	Val
545				550				555				560			
Lys	Cys	Thr	Ser	Tyr	Pro	Asp	Gly	Ser	Trp	Lys	Cys	Gly	Ala	Cys	Pro
565				570				575							
Pro	Gly	Tyr	Ser	Gly	Asn	Gly	Ile	Gln	Cys	Thr	Asp	Val	Asp	Glu	Cys
580				585				590							
Lys	Glu	Val	Pro	Asp	Ala	Cys	Phe	Asn	His	Asn	Gly	Glu	His	Arg	Cys
595				600				605							
Glu	Asn	Thr	Asp	Pro	Gly	Tyr	Asn	Cys	Leu	Pro	Cys	Pro	Pro	Arg	Phe
610				615				620							
Thr	Gly	Ser	Gln	Pro	Phe	Gly	Gln	Gly	Val	Glu	His	Ala	Thr	Ala	Asn
625				630				635				640			
Lys	Gln	Val	Cys	Lys	Pro	Arg	Asn	Pro	Cys	Thr	Asp	Gly	Thr	His	Asp
645				650				655							
Cys	Asn	Lys	Asn	Ala	Lys	Cys	Asn	Tyr	Leu	Gly	His	Tyr	Ser	Asp	Pro

660	665	670
Met Tyr Arg Cys Glu Cys Lys Pro Gly Tyr Ala Gly Asn Gly Ile Ile		
675	680	685
Cys Gly Glu Asp Thr Asp Leu Asp Gly Trp Pro Asn Glu Asn Leu Val		
690	695	700
Cys Val Ala Asn Ala Thr Tyr His Cys Lys Lys Asp Asn Cys Pro Asn		
705	710	715
Leu Pro Asn Ser Gly Gln Glu Asp Tyr Asp Lys Asp Gly Ile Gly Asp		
725	730	735
Ala Cys Asp Asp Asp Asp Asp Asn Asp Lys Ile Pro Asp Asp Arg Asp		
740	745	750
Asn Cys Pro Phe His Tyr Asn Pro Ala Gln Tyr Asp Tyr Asp Arg Asp		
755	760	765
Asp Val Gly Asp Arg Cys Asp Asn Cys Pro Tyr Asn His Asn Pro Asp		
770	775	780
Gln Ala Asp Thr Asp Asn Asn Gly Glu Gly Asp Ala Cys Ala Ala Asp		
785	790	795
Ile Asp Gly Asp Gly Ile Leu Asn Glu Arg Asp Asn Cys Gln Tyr Val		
805	810	815
Tyr Asn Val Asp Gln Arg Asp Thr Asp Met Asp Gly Val Gly Asp Gln		
820	825	830
Cys Asp Asn Cys Pro Leu Glu His Asn Pro Asp Gln Leu Asp Ser Asp		
835	840	845
Ser Asp Arg Ile Gly Asp Thr Cys Asp Asn Asn Gln Asp Ile Asp Glu		
850	855	860
Asp Gly His Gln Asn Asn Leu Asp Asn Cys Pro Tyr Val Pro Asn Ala		
865	870	875
Asn Gln Ala Asp His Asp Lys Asp Gly Lys Gly Asp Ala Cys Asp His		
885	890	895

Asp Asp Asp Asn Asp Gly Ile Pro Asp Asp Lys Asp Asn Cys Arg Leu
 900 905 910
 Val Pro Asn Pro Asp Gln Lys Asp Ser Asp Gly Asp Gly Arg Gly Asp
 915 920 925
 Ala Gvs Lys Asp Asp Phe Asp His Asp Ser Val Pro Asp Ile Asp Asp
 930 935 940
 Ile Cys Pro Glu Asn Val Asp Ile Ser Glu Thr Asp Phe Arg Arg Phe
 945 950 955 960
 Gln Met Ile Pro Leu Asp Pro Lys Gly Thr Ser Gln Asn Asp Pro Asn
 965 970 975
 Trp Val Val Arg His Gln Gly Lys Glu Leu Val Gln Thr Val Asn Cys
 980 985 990
 Asp Pro Gly Leu Ala Val Gly Tyr Asp Glu Phe Asn Ala Val Asp Phe
 995 1000 1005
 Ser Gly Thr Phe Phe Ile Asn Thr Glu Arg Asp Asp Asp Tyr Ala Gly
 1010 1015 1020
 Phe Val Phe Gly Tyr Gln Ser Ser Ser Arg Phe Tyr Val Val Met Trp
 1025 1030 1035 1040
 Lys Gln Val Thr Gln Ser Tyr Trp Asp Thr Asn Pro Thr Arg Ala Gln
 1045 1050 1055
 Gly Tyr Ser Gly Leu Ser Val Lys Val Val Asn Ser Thr Thr Gly Pro
 1060 1065 1070
 Gly Glu His Leu Arg Asn Ala Leu Trp His Thr Gly Asn Thr Pro Gly
 1075 1080 1085
 Gln Val Arg Thr Leu Trp His Asp Pro Arg His Ile Gly Trp Lys Asp
 1090 1095 1100
 Phe Thr Ala Tyr Arg Trp Arg Leu Ser His Arg Pro Lys Thr Gly Phe
 1105 1110 1115 1120
 Ile Arg Val Val Met Tyr Glu Gly Lys Lys Ile Met Ala Asp Ser Gly

1125 1130 1135
 Pro Ile Tyr Asp Lys Thr Tyr Ala Gly Gly Arg Leu Gly Leu Phe Val
 1140 1145 1150
 Phe Ser Gln Glu Met Val Phe Phe Ser Asp Leu Lys Tyr Glu Cys Arg
 1155 1160 1165
 Asp Pro
 1170

【 0 4 2 6 】

<210> 101
 <211> 838
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens
 <220>
 <221> CDS
 <222> (35)..(568)
 <400> 101

gaattccgga gttttcatcc agccacgggc cagc atg tct ggg ggc aaa tac gta 55
 Met Ser Gly Gly Lys Tyr Val
 1 5
 gac tcg gag gga cat ctc tac acc gtt ccc atc cgg gaa cag ggc aac 103
 Asp Ser Glu Gly His Leu Tyr Thr Val Pro Ile Arg Glu Gln Gly Asn
 10 15 20
 atc tac aag ccc aac aac aag gcc atg gca gac gag ctg agc gag aag 151
 Ile Tyr Lys Pro Asn Asn Lys Ala Met Ala Asp Glu Leu Ser Glu Lys
 25 30 35
 caa gtg tac gac gcg cac acc aag gag atc gac ctg gtc aac cgc gac 199
 Gln Val Tyr Asp Ala His Thr Lys Glu Ile Asp Leu Val Asn Arg Asp
 40 45 50 55
 cct aaa cac ctc aac gat gac gtg gtc aag att gac ttt gaa gat gtg 247

Pro Lys His Leu Asn Asp Asp Val Val Lys Ile Asp Phe Glu Asp Val

60

65

70

att gca gaa cca gaa ggg aca cac agt ttt cac ggc att tgg aag gcc 295

Ile Ala Glu Pro Glu Gly Thr His Ser Phe His Gly Ile Trp Lys Ala

75

80

85

agc ttc acc acc ttc act gtg acg aaa tac tgg ttt tac cgc ttg ctg 343

Ser Phe Thr Thr Phe Thr Val Thr Lys Tyr Trp Phe Tyr Arg Leu Leu

90

95

100

tct gcc ctc ttt ggc atc ccg atg gca ctc atc tgg ggc att tac ttc 391

Ser Ala Leu Phe Gly Ile Pro Met Ala Leu Ile Trp Gly Ile Tyr Phe

105

110

115

gcc att ctc tct ttc ctg cac atc tgg gca gtt gta cca tgc att aag 439

Ala Ile Leu Ser Phe Leu His Ile Trp Ala Val Val Pro Cys Ile Lys

120

125

130

135

agc ttc ctg att gag att cag tgc acc agc cgt gtc tat tcc atc tac 487

Ser Phe Leu Ile Glu Ile Gln Cys Thr Ser Arg Val Tyr Ser Ile Tyr

140

145

150

gtc cac acc gtc tgt gac cca ctc ttt gaa gct gtt ggg aaa ata ttc 535

Val His Thr Val Cys Asp Pro Leu Phe Glu Ala Val Gly Lys Ile Phe

155

160

165

agc aat gtc cgc atc aac ttg cag aaa gaa ata taaatgacat ttcaaggata 588

Ser Asn Val Arg Ile Asn Leu Gln Lys Glu Ile

170

175

gaagtatacc tgattttttt tccttttaat tttcctgggtg ccaatttcaa gttccaagtt 648

gctaatacag caacgaattt atgaattgaa ttatcttgggt tgaaaataaa aagatcactt 708

tctcagtttt cataagtatt atgtctcttc tgagctatitt catctatittt tggcagttctg 768

aatttttaaa acccatttat atttctttcc ttaccttttt atttgcattgt ggatcaacca 828

tcgctttatt 838

【 0 4 2 7 】

<210> 102

<211> 178

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 102

Met Ser Gly Gly Lys Tyr Val Asp Ser Glu Gly His Leu Tyr Thr V

1 5 10 15

Pro Ile Arg Glu Gln Gly Asn Ile Tyr Lys Pro Asn Asn Lys Ala Met

20 25 30

Ala Asp Glu Leu Ser Glu Lys Gln Val Tyr Asp Ala His Thr Lys Glu

35 40 45

Ile Asp Leu Val Asn Arg Asp Pro Lys His Leu Asn Asp Asp Val Val

50 55 60

Lys Ile Asp Phe Glu Asp Val Ile Ala Glu Pro Glu Gly Thr His Ser

65 70 75 80

Phe His Gly Ile Trp Lys Ala Ser Phe Thr Thr Phe Thr Val Thr Lys

85 90 95

Tyr Trp Phe Tyr Arg Leu Leu Ser Ala Leu Phe Gly Ile Pro Met Ala

100 105 110

Leu Ile Trp Gly Ile Tyr Phe Ala Ile Leu Ser Phe Leu His Ile Trp

115 120 125

Ala Val Val Pro Cys Ile Lys Ser Phe Leu Ile Glu Ile Gln Cys Thr

130 135 140

Ser Arg Val Tyr Ser Ile Tyr Val His Thr Val Cys Asp Pro Leu Phe

145 150 155 160

Glu Ala Val Gly Lys Ile Phe Ser Asn Val Arg Ile Asn Leu Gln Lys

165 170 175

Glu Ile

【 0 4 2 8 】

<210> 103
 <211> 2269
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(444)

<400> 103

```

ccg ccc gcc acc agc tac gcc ccg tcc gac gtg ccc tcg ggg gtc gcg 48
Pro Pro Ala Thr Ser Tyr Ala Pro Ser Asp Val Pro Ser Gly Val Ala
  1           5           10           15
ctg ttc ctc acc atc cct ttc gcc ttc ttc ctg ccc gag ctg ata ttt 96
Leu Phe Leu Thr Ile Pro Phe Ala Phe Phe Leu Pro Glu Leu Ile Phe
          20           25           30
ggg ttc ttg gtc tgg acc atg gta gcc gcc acc cac ata gta tac ccc 144
Gly Phe Leu Val Trp Thr Met Val Ala Ala Thr His Ile Val Tyr Pro
          35           40           45
ttg ctg caa gga tgg gtg atg tat gtc tcg ctc acc tcg ttt ctc atc 192
Leu Leu Gln Gly Trp Val Met Tyr Val Ser Leu Thr Ser Phe Leu Ile
          50           55           60
tcc ttg atg ttc ctg ttg tct tac ttg ttt gga ttt tac aaa aga ttt 240
Ser Leu Met Phe Leu Leu Ser Tyr Leu Phe Gly Phe Tyr Lys Arg Phe
          65           70           75           80
gaa tcc tgg aga gtt ctg gac agc ctg tac cac ggg acc act ggc atc 288
Glu Ser Trp Arg Val Leu Asp Ser Leu Tyr His Gly Thr Thr Gly Ile
          85           90           95
ctg tac atg agc gct gcc gtc cta caa gta cat gcc acg att gtt tct 336
Leu Tyr Met Ser Ala Ala Val Leu Gln Val His Ala Thr Ile Val Ser
          100           105           110
    
```

gag aaa ctg ctg gac cca aga att tac tac att aat tcg gca gcc tcg 384
 Glu Lys Leu Leu Asp Pro Arg Ile Tyr Tyr Ile Asn Ser Ala Ala Ser
 115 120 125
 ttc ttc gcc ttc atc gcc acg ctg ctc tac att ctc cat gcc ttc agc 432
 Phe Phe Ala Phe Ile Ala Thr Leu Leu Tyr Ile Leu His Ala Phe Ser
 130 135 140
 atc tat tac cac tgaigcacag gcgccaggcc aagggggaaa tgctcttga 484
 Ile Tyr Tyr His
 145
 aagctccaat tattgtccc caaaagcagc ttccaacgtt tgccatctgg atgacaaacg 544
 gaagatccac taaaacgtcc acgggattaa cagaacgtcc ttgcagactg agcgatgaca 604
 ccacactttg tttggacatt taaattcact ctgctgaata ggaggaagct tttctttttc 664
 ctgggaaaac aactgtctct tgaattatc tgaccatgaa ctgtctcttc tagacaactc 724
 acatcaaagc cctcactcca ctaatggaga atcctagccc cactaatgcc aagtctgttt 784
 ggggattttg cctcagctat gggcttcctt agagtaggtc taggggaata ctcagtctga 844
 tctttttttt gtttgtttta ttttgttttt tttagacagg agtctcgtc ttcctccaag 904
 gctggagtgc agtgacgcga tctccactca ctgcaggctc cgcctcccgg gttcccgcga 964
 ttctcctgcc tcagcctccc gagtagccgg gactacaggc gccaccacc atgcccggt 1024
 aatttagttg tatttttagt agagatgggg ttaccacgta ttagccagga tggctcgtat 1084
 ctctgacct cgtgatccgc ccgcctcggc ctccaaagt gctgggatta caggcgtgag 1144
 ccaccgtgcc cggcctgatt ctcttaaaat tgaagagggt ctgccaaggc cttcagatct 1204
 aacgcagatg catagacctt gtctctggta cttgttcagc ctgtgctggg gagccgtggt 1264
 cccgagttcc ctgggaggct gacagggtca agccaccctg cccaccacc tcccacttcc 1324
 cctccccctt cctctccagc attaggattc aagggaatc tgcatgaagc caattttgag 1384
 ggtagacgtg tggggaaaat aaatcattat acagtaagac ctggggcttg aggggtgggg 1444
 aatggggagg gaagggcata gcctgctcct ccatgagtct gacatctcgg aaactgagca 1504
 gctgccggac gcctgggtca ggaatccaag accccacctc ttaaggactg gtctctcaga 1564
 aagcaccctc agggaaaaag gtgaaaacat tacatccgtg gattctcctg ccacaaccgc 1624
 attggaagaa aaggctgccg caacatctca gcgaggagtg aaggacccat gtcccaggaa 1684

ccgcgctgcg ccacctgcac tcacccccct cacattctct taagcaccgc gtggccctcc 1744
gaggctggcg gaatggtggt gccacgggg ttgggcaagg gctcaccagg acctcaacgg 1804
gcaaagtigt gcacactaaa atatcaaatc aaggctgttg gttttaagt aaatgttttt 1864
ctaaagaaag ctgtgttctt ctgttgacct agacgaatag ggcacagccc tgtaactgca 1924
ctgctctctt gtcattggga atgaaataaa ttattacgag aaagggactt gtcctaactg 1984
gtttgaggcc ttacagtttt gtaclacat tttccccc cttggggtttg cggggacagg 2044
gacagaacta caggagtcac gggaaagaaa attctggctt cactactgct cactgctcac 2104
tttctgatca ctctgatact ttttttttt ttttttttt gcaacctgat accttgaaaa 2164
gcttctatgt gtctctcctt ttgttgctg gcagctgtct aggatgatca ctgattacta 2224
tttactaagt agccacatgc aaataaaagt tgtttggtaa aatgg 2269

【 0 4 2 9 】

<210> 104

<211> 148

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 104

Pro Pro Ala Thr Ser Tyr Ala Pro Ser Asp Val Pro Ser Gly Val Ala

1 5 10 15

Leu Phe Leu Thr Ile Pro Phe Ala Phe Phe Leu Pro Glu Leu Ile Phe

20 25 30

Gly Phe Leu Val Trp Thr Met Val Ala Ala Thr His Ile Val Tyr Pro

35 40 45

Leu Leu Gln Gly Trp Val Met Tyr Val Ser Leu Thr Ser Phe Leu Ile

50 55 60

Ser Leu Met Phe Leu Leu Ser Tyr Leu Phe Gly Phe Tyr Lys Arg Phe

65 70 75 80

Glu Ser Trp Arg Val Leu Asp Ser Leu Tyr His Gly Thr Thr Gly Ile

85 90 95

Leu Tyr Met Ser Ala Ala Val Leu Gln Val His Ala Thr Ile Val Ser

100 105 110
 Glu Lys Leu Leu Asp Pro Arg Ile Tyr Tyr Ile Asn Ser Ala Ala Ser
 115 120 125
 Phe Phe Ala Phe Ile Ala Thr Leu Leu Tyr Ile Leu His Ala Phe Ser
 130 135 140
 Ile Tyr Tyr His
 145

【 0 4 3 0 】

<210> 105
 <211> 2899
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens
 <220>
 <221> CDS
 <222> (91)..(2196)
 <400> 105

gatctgaatt cggctccagc tagagctcca gcgcccgtc aggccccact cgacctctc 60
 gggcctcggc tacttggact gcggcggaat atg gcg gct ccg atg act ccc gcg 114

Met Ala Ala Pro Met Thr Pro Ala

1 5

gct cgg ccc gag gac tac gag gcg gcg ctc aat gcc gcc ctg gct gac 162
 Ala Arg Pro Glu Asp Tyr Glu Ala Ala Leu Asn Ala Ala Leu Ala Asp

10 15 20

gtg ccc gaa ctg gcc aga ctc ctg gag atc gac ccg tac ttg aag ccc 210
 Val Pro Glu Leu Ala Arg Leu Leu Glu Ile Asp Pro Tyr Leu Lys Pro

25 30 35 40

tac gcc gtg gac ttc cag cgc agg tat aag cag ttt agc caa att ttg 258
 Tyr Ala Val Asp Phe Gln Arg Arg Tyr Lys Gln Phe Ser Gln Ile Leu

45 50 55

aag aac att gga gaa aat gaa ggt ggt att gat aag ttt tcc aga ggc	306
Lys Asn Ile Gly Glu Asn Glu Gly Gly Ile Asp Lys Phe Ser Arg Gly	
60 65 70	
tat gaa tca ttt ggc gtc cac aga tgt gct gat ggt ggt tta tac tcc	354
Tyr Glu Ser Phe Gly Val His Arg Cys Ala Asp Gly Gly Leu Tyr Ser	
75 80 85	
aaa gaa tgg gcc ccg gga gca gaa gga gtt ttt ctt act gga gat ttt	402
Lys Glu Trp Ala Pro Gly Ala Glu Gly Val Phe Leu Thr Gly Asp Phe	
90 95 100	
aat ggt tgg aat cca ttt tcg tac cca tac aaa aaa ctg gat tat gga	450
Asn Gly Trp Asn Pro Phe Ser Tyr Pro Tyr Lys Lys Leu Asp Tyr Gly	
105 110 115 120	
aaa tgg gag ctg tat atc cca cca aag cag aat aaa tct gta ctc gtg	498
Lys Trp Glu Leu Tyr Ile Pro Pro Lys Gln Asn Lys Ser Val Leu Val	
125 130 135	
cct cat gga tcc aaa tta aag gta gtt att act agt aaa agc gga gag	546
Pro His Gly Ser Lys Leu Lys Val Val Ile Thr Ser Lys Ser Gly Glu	
140 145 150	
atc ttg tat cgt att tca ccg tgg gca aag tat gtg gtt cgt gaa ggt	594
Ile Leu Tyr Arg Ile Ser Pro Trp Ala Lys Tyr Val Val Arg Glu Gly	
155 160 165	
gat aat gtg aat tat gat tgg ata cac tgg gat cca gaa cac tca tat	642
Asp Asn Val Asn Tyr Asp Trp Ile His Trp Asp Pro Glu His Ser Tyr	
170 175 180	
gag ttt aag cat tcc aga cca aag aag cca cgg agt cta aga att tat	690
Glu Phe Lys His Ser Arg Pro Lys Lys Pro Arg Ser Leu Arg Ile Tyr	
185 190 195 200	
gaa tct cat gtg gga att tct tcc cat gaa gga aaa gta gct tct tat	738
Glu Ser His Val Gly Ile Ser Ser His Glu Gly Lys Val Ala Ser Tyr	

205	210	215	
aaa cat ttt aca tgc aat gta cta cca aga atc aaa ggc ctt gga tac			786
Lys His Phe Thr Cys Asn Val Leu Pro Arg Ile Lys Gly Leu Gly Tyr			
220	225	230	
aac tgc att cag ttg atg gca atc atg gag cat gct tac tat gcc agc			834
Asn Cys Ile Gln Leu Met Ala Ile Met Glu His Ala Tyr Tyr Ala Ser			
235	240	245	
ttt ggt tac caa atc aca agc ttc ttt gca gct tcc agc cgt tat gga			882
Phe Gly Tyr Gln Ile Thr Ser Phe Phe Ala Ala Ser Ser Arg Tyr Gly			
250	255	260	
aca cct gaa gag cta caa gaa ctg gta gac aca gct cat tcc atg ggt			930
Thr Pro Glu Glu Leu Gln Glu Leu Val Asp Thr Ala His Ser Met Gly			
265	270	275	280
atc ata gtc ctc tta gat gtg gta cac agc cat gct tca aaa aat tca			978
Ile Ile Val Leu Leu Asp Val Val His Ser His Ala Ser Lys Asn Ser			
285	290	295	
gca gat gga ttg aat atg ttt gat ggg aca gat tcc tgt tat ttt cat			1026
Ala Asp Gly Leu Asn Met Phe Asp Gly Thr Asp Ser Cys Tyr Phe His			
300	305	310	
tct gga cct aga ggg act cat gat ctt tgg gat agc aga ttg ttt gcc			1074
Ser Gly Pro Arg Gly Thr His Asp Leu Trp Asp Ser Arg Leu Phe Ala			
315	320	325	
tac tcc agc tgg gaa gtt tta aga ttc ctt ctg tca aac ata aga tgg			1122
Tyr Ser Ser Trp Glu Val Leu Arg Phe Leu Leu Ser Asn Ile Arg Trp			
330	335	340	
tgg ttg gaa gaa tat cgc ttt gat gga ttt cgt ttt gat ggt gtt acg			1170
Trp Leu Glu Glu Tyr Arg Phe Asp Gly Phe Arg Phe Asp Gly Val Thr			
345	350	355	360
tcc atg ctt tat cat cac cat gga gtg ggt caa ggt ttc tca ggt gat			1218

Ser Met Leu Tyr His His His Gly Val Gly Gln Gly Phe Ser Gly Asp
365 370 375
tac agt gaa tat ttc gga cta caa gta gat gaa gat gcc ttg act tac 1266
Tyr Ser Glu Tyr Phe Gly Leu Gln Val Asp Glu Asp Ala Leu Thr Tyr
380 385 390
ctc atg ttg gca aat cat ttg gtt cac acg ctg tgt ccc gat tct ata 1314
Leu Met Leu Ala Asn His Leu Val His Thr Leu Cys Pro Asp Ser Ile
395 400 405
aca ata gct gag gat gta tca gga atg cca gct ctg tgc tct cca att 1362
Thr Ile Ala Glu Asp Val Ser Gly Met Pro Ala Leu Cys Ser Pro Ile
410 415 420
tcc cag gga ggg ggt ggt ttt gac tat cga cta gcc atg gca att cca 1410
Ser Gln Gly Gly Gly Gly Phe Asp Tyr Arg Leu Ala Met Ala Ile Pro
425 430 435 440
gat aag tgg att cag cta ctt aaa gag ttt aaa gat gaa gac tgg aac 1458
Asp Lys Trp Ile Gln Leu Leu Lys Glu Phe Lys Asp Glu Asp Trp Asn
445 450 455
atg ggc gat ata gta tac acg ctc aca aac agg cgc tac ctt gaa aag 1506
Met Gly Asp Ile Val Tyr Thr Leu Thr Asn Arg Arg Tyr Leu Glu Lys
460 465 470
tgc att gct tat gca gag agc cat gat cag gca ttg gtt ggg gat aag 1554
Cys Ile Ala Tyr Ala Glu Ser His Asp Gln Ala Leu Val Gly Asp Lys
475 480 485
tcg ctg gca ttt tgg ttg atg gat gcc gaa atg tat aca aac atg agt 1602
Ser Leu Ala Phe Trp Leu Met Asp Ala Glu Met Tyr Thr Asn Met Ser
490 495 500
gtc ctg act cct ttt act cca gtt att gat cgt gga ata cag ctt cat 1650
Val Leu Thr Pro Phe Thr Pro Val Ile Asp Arg Gly Ile Gln Leu His
505 510 515 520

aaa atg att cga ctc att acg cat ggg ctt ggt gga gaa ggc tat ctc	1698
Lys Met Ile Arg Leu Ile Thr His Gly Leu Gly Gly Glu Gly Tyr Leu	
525 530 535	
aat ttc atg ggt aat gaa ttt ggg cat cct gaa tgg tta gac ttc cca	1746
Asn Phe Met Gly Asn Glu Phe Gly His Pro Glu Trp Leu Asp Phe Pro	
540 545 550	
aga aaa gga aat aat gag agt tac cat tat gcc agg cgg cag ttt cat	1794
Arg Lys Gly Asn Asn Glu Ser Tyr His Tyr Ala Arg Arg Gln Phe His	
555 560 565	
tta act gac gac gac ctt ctt cgc tac aag ttc cta aat aat ttt gac	1842
Leu Thr Asp Asp Asp Leu Leu Arg Tyr Lys Phe Leu Asn Asn Phe Asp	
570 575 580	
agg gat atg aat aga ttg gaa gaa aga tat ggt tgg ctt gca gct cca	1890
Arg Asp Met Asn Arg Leu Glu Glu Arg Tyr Gly Trp Leu Ala Ala Pro	
585 590 595 600	
cag gcc tac gtg agt gaa aaa cat gaa ggc aat aag atc att gct ttt	1938
Gln Ala Tyr Val Ser Glu Lys His Glu Gly Asn Lys Ile Ile Ala Phe	
605 610 615	
gaa aga gca ggt ctt ctt ttc att ttc aac ttc cat cca agc aag agc	1986
Glu Arg Ala Gly Leu Leu Phe Ile Phe Asn Phe His Pro Ser Lys Ser	
620 625 630	
tac act gac tac cga gtt gga aca gca ttg cca ggg aaa ttc aaa att	2034
Tyr Thr Asp Tyr Arg Val Gly Thr Ala Leu Pro Gly Lys Phe Lys Ile	
635 640 645	
gtg cta gat tca gat gca gcg gaa tat gga ggg cat cag aga ctg gac	2082
Val Leu Asp Ser Asp Ala Ala Glu Tyr Gly Gly His Gln Arg Leu Asp	
650 655 660	
cac agc act gac ttt ttt tct gag gct ttt gaa cat aat ggg cgt ccc	2130
His Ser Thr Asp Phe Phe Ser Glu Ala Phe Glu His Asn Gly Arg Pro	

665 670 675 680
tat tct ctt ttg gtg tac att cca agc aga gtg gcc ctc atc ctt cag 2178
Tyr Ser Leu Leu Val Tyr Ile Pro Ser Arg Val Ala Leu Ile Leu Gln

685 690 695
aat gtc gat ctg ccg aat tgaagaggcc tgttttcagc tctccagat 2226
Asn Val Asp Leu Pro Asn

700
gcagatttgt gttttgtttt cttgttatca ctgtcacaca gcttataaca tgtatgcttt 2286
tcagaatata gttgtctagc caagccatca agtgtctgaa attcaatatt ggtttatgca 2346
aatacagcaa acttttattt aagtagatag gagaatatgt ttaaaatatt aggaatccta 2406
gaccatattt tcaagtcac ttagcagcta ggattctcaa atggaagtgt tatatataat 2466
atgttaaaaa cattttgctt tcctggctaa ttatttgatc cttttaaatc caaatttgaa 2526
tcatttgta tgtatgatta ttctgttaa atgtacacag tatttaagat ggatatttgg 2586
tggctctatt tgttctgata tcttttggtc taaattatga ggtaccaaga ttgtttcttt 2646
gtttcttttt ttcaaattgt gtttagaaat actgtaataa atatgcagta gtgatataaa 2706
gaattatata caaggtata taaaagccat tacgtatgaa ctcacccgtg tctcattttg 2766
tgttttattt tgtgatctct tgtccactaa gtatcttggt aaatgccagt atctcagtct 2826
ttctgaagcc ctgaaatggt aattgtagca tticagaaaa tgtctttcat ttcaatcaat 2886
aaaaagcttt tgt 2899

【 0 4 3 1 】

<210> 106

<211> 702

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 106

Met Ala Ala Pro Met Thr Pro Ala Ala Arg Pro Glu Asp Tyr Glu Ala

1 5 10 15

Ala Leu Asn Ala Ala Leu Ala Asp Val Pro Glu Leu Ala Arg Leu Leu

20 25 30

Glu Ile Asp Pro Tyr Leu Lys Pro Tyr Ala Val Asp Phe Gln Arg Arg
 35 40 45
 Tyr Lys Gln Phe Ser Gln Ile Leu Lys Asn Ile Gly Glu Asn Glu Gly
 50 55 60
 Gly Ile Asp Lys Phe Ser Arg Gly Tyr Glu Ser Phe Gly Val His Arg
 65 70 75 80
 Cys Ala Asp Gly Gly Leu Tyr Ser Lys Glu Trp Ala Pro Gly Ala Glu
 85 90 95
 Gly Val Phe Leu Thr Gly Asp Phe Asn Gly Trp Asn Pro Phe Ser Tyr
 100 105 110
 Pro Tyr Lys Lys Leu Asp Tyr Gly Lys Trp Glu Leu Tyr Ile Pro Pro
 115 120 125
 Lys Gln Asn Lys Ser Val Leu Val Pro His Gly Ser Lys Leu Lys Val
 130 135 140
 Val Ile Thr Ser Lys Ser Gly Glu Ile Leu Tyr Arg Ile Ser Pro Trp
 145 150 155 160
 Ala Lys Tyr Val Val Arg Glu Gly Asp Asn Val Asn Tyr Asp Trp Ile
 165 170 175
 His Trp Asp Pro Glu His Ser Tyr Glu Phe Lys His Ser Arg Pro Lys
 180 185 190
 Lys Pro Arg Ser Leu Arg Ile Tyr Glu Ser His Val Gly Ile Ser Ser
 195 200 205
 His Glu Gly Lys Val Ala Ser Tyr Lys His Phe Thr Cys Asn Val Leu
 210 215 220
 Pro Arg Ile Lys Gly Leu Gly Tyr Asn Cys Ile Gln Leu Met Ala Ile
 225 230 235 240
 Met Glu His Ala Tyr Tyr Ala Ser Phe Gly Tyr Gln Ile Thr Ser Phe
 245 250 255
 Phe Ala Ala Ser Ser Arg Tyr Gly Thr Pro Glu Glu Leu Gln Glu Leu

260	265	270
Val Asp Thr Ala His Ser Met Gly Ile Ile Val Leu Leu Asp Val Val		
275	280	285
His Ser His Ala Ser Lys Asn Ser Ala Asp Gly Leu Asn Met Phe Asp		
290	295	300
Gly Thr Asp Ser Cys Tyr Phe His Ser Gly Pro Arg Gly Thr His Asp		
305	310	315
Leu Trp Asp Ser Arg Leu Phe Ala Tyr Ser Ser Trp Glu Val Leu Arg		
325	330	335
Phe Leu Leu Ser Asn Ile Arg Trp Trp Leu Glu Glu Tyr Arg Phe Asp		
340	345	350
Gly Phe Arg Phe Asp Gly Val Thr Ser Met Leu Tyr His His His Gly		
355	360	365
Val Gly Gln Gly Phe Ser Gly Asp Tyr Ser Glu Tyr Phe Gly Leu Gln		
370	375	380
Val Asp Glu Asp Ala Leu Thr Tyr Leu Met Leu Ala Asn His Leu Val		
385	390	395
His Thr Leu Cys Pro Asp Ser Ile Thr Ile Ala Glu Asp Val Ser Gly		
405	410	415
Met Pro Ala Leu Cys Ser Pro Ile Ser Gln Gly Gly Gly Gly Phe Asp		
420	425	430
Tyr Arg Leu Ala Met Ala Ile Pro Asp Lys Trp Ile Gln Leu Leu Lys		
435	440	445
Glu Phe Lys Asp Glu Asp Trp Asn Met Gly Asp Ile Val Tyr Thr Leu		
450	455	460
Thr Asn Arg Arg Tyr Leu Glu Lys Cys Ile Ala Tyr Ala Glu Ser His		
465	470	475
Asp Gln Ala Leu Val Gly Asp Lys Ser Leu Ala Phe Trp Leu Met Asp		
485	490	495

Ala Glu Met Tyr Thr Asn Met Ser Val Leu Thr Pro Phe Thr Pro Val			
500	505	510	
Ile Asp Arg Gly Ile Gln Leu His Lys Met Ile Arg Leu Ile Thr His			
515	520	525	
Gly Leu Gly Gly Glu Gly Tyr Leu Asn Phe Met Gly Asn Glu Phe Gly			
530	535	540	
His Pro Glu Trp Leu Asp Phe Pro Arg Lys Gly Asn Asn Glu Ser Tyr			
545	550	555	560
His Tyr Ala Arg Arg Gln Phe His Leu Thr Asp Asp Asp Leu Leu Arg			
565	570	575	
Tyr Lys Phe Leu Asn Asn Phe Asp Arg Asp Met Asn Arg Leu Glu Glu			
580	585	590	
Arg Tyr Gly Trp Leu Ala Ala Pro Gln Ala Tyr Val Ser Glu Lys His			
595	600	605	
Glu Gly Asn Lys Ile Ile Ala Phe Glu Arg Ala Gly Leu Leu Phe Ile			
610	615	620	
Phe Asn Phe His Pro Ser Lys Ser Tyr Thr Asp Tyr Arg Val Gly Thr			
625	630	635	640
Ala Leu Pro Gly Lys Phe Lys Ile Val Leu Asp Ser Asp Ala Ala Glu			
645	650	655	
Tyr Gly Gly His Gln Arg Leu Asp His Ser Thr Asp Phe Phe Ser Glu			
660	665	670	
Ala Phe Glu His Asn Gly Arg Pro Tyr Ser Leu Leu Val Tyr Ile Pro			
675	680	685	
Ser Arg Val Ala Leu Ile Leu Gln Asn Val Asp Leu Pro Asn			
690	695	700	

【 0 4 3 2 】

<210> 107

<211> 790

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (78)...(626)

<400> 107

```

actgccccaa ggcccccgcc gccgctccag cgccgcgcag ccaccgccgc cgccgccgcc 60
tctccttagt cgccgcc atg acg acc gcg tcc acc tcg cag gtg cgc cag    110
      Met Thr Thr Ala Ser Thr Ser Gln Val Arg Gln
              1              5              10
aac tac cac cag gac tca gag gcc gcc atc aac cgc cag atc aac ctg    158
Asn Tyr His Gln Asp Ser Glu Ala Ala Ile Asn Arg Gln Ile Asn Leu
              15              20              25
gag ctc tac gcc tcc tac gtt tac ctg tcc atg tct tac tac ttt gac    206
Glu Leu Tyr Ala Ser Tyr Val Tyr Leu Ser Met Ser Tyr Tyr Phe Asp
              30              35              40
cgc gat gat gtg gct ttg aag aac ttt gcc aaa tac ttt ctt cac caa    254
Arg Asp Asp Val Ala Leu Lys Asn Phe Ala Lys Tyr Phe Leu His Gln
              45              50              55
tct cat gag gag agg gaa cat gct gag aaa ctg atg aag ctg cag aac    302
Ser His Glu Glu Arg Glu His Ala Glu Lys Leu Met Lys Leu Gln Asn
              60              65              70              75
caa cga ggt ggc cga atc ttc ctt cag gat atc aag aaa cca gac tgt    350
Gln Arg Gly Gly Arg Ile Phe Leu Gln Asp Ile Lys Lys Pro Asp Cys
              80              85              90
gat gac tgg gag agc ggg ctg aat gca atg gag tgt gca tta cat ttg    398
Asp Asp Trp Glu Ser Gly Leu Asn Ala Met Glu Cys Ala Leu His Leu
              95              100              105
gaa aaa aat gtg aat cag tca cta ctg gaa ctg cac aaa ctg gcc act    446

```

Glu Lys Asn Val Asn Gln Ser Leu Leu Glu Leu His Lys Leu Ala Thr
 110 115 120
 gac aaa aat gac ccc cat ttg tgt gac ttc att gag aca cat tac ctg 494
 Asp Lys Asn Asp Pro His Leu Cys Asp Phe Ile Glu Thr His Tyr Leu
 125 130 135
 aat gag cag gtg aaa gcc atc aaa gaa ttg ggt gac cac gtg acc aac 542
 Asn Glu Gln Val Lys Ala Ile Lys Glu Leu Gly Asp His Val Thr Asn
 140 145 150 155
 ttg cgc aag atg gga gcg ccc gaa tct ggc ttg gcg gaa tat ctc ttt 590
 Leu Arg Lys Met Gly Ala Pro Glu Ser Gly Leu Ala Glu Tyr Leu Phe
 160 165 170
 gac aag cac acc ctg gga gac agt gat aat gaa agc taagcctcgg 636
 Asp Lys His Thr Leu Gly Asp Ser Asp Asn Glu Ser
 175 180
 gctaatttcc ccatagccgt ggggtgactt ccctggtcac caaggcagtg catgcatgtt 696
 ggggtttcct ttaccttttc tataagtgt accaaaacat ccacttaagt tctttgattt 756
 gtaccattcc ttcaaataaa gaaatttggt accc 790

【 0 4 3 3 】

<210> 108

<211> 183

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 108

Met Thr Thr Ala Ser Thr Ser Gln Val Arg Gln Asn Tyr His Gln Asp
 1 5 10 15
 Ser Glu Ala Ala Ile Asn Arg Gln Ile Asn Leu Glu Leu Tyr Ala Ser
 20 25 30
 Tyr Val Tyr Leu Ser Met Ser Tyr Tyr Phe Asp Arg Asp Asp Val Ala
 35 40 45

Leu Lys Asn Phe Ala Lys Tyr Phe Leu His Gln Ser His Glu Glu Arg
 50 55 60
 Glu His Ala Glu Lys Leu Met Lys Leu Gln Asn Gln Arg Gly Gly Arg
 65 70 75 80
 Ile Phe Leu Gln Asp Ile Lys Lys Pro Asp Cys Asp Asp Trp Glu Ser
 85 90 95
 Gly Leu Asn Ala Met Glu Cys Ala Leu His Leu Glu Lys Asn Val Asn
 100 105 110
 Gln Ser Leu Leu Glu Leu His Lys Leu Ala Thr Asp Lys Asn Asp Pro
 115 120 125
 His Leu Cys Asp Phe Ile Glu Thr His Tyr Leu Asn Glu Gln Val Lys
 130 135 140
 Ala Ile Lys Glu Leu Gly Asp His Val Thr Asn Leu Arg Lys Met Gly
 145 150 155 160
 Ala Pro Glu Ser Gly Leu Ala Glu Tyr Leu Phe Asp Lys His Thr Leu
 165 170 175
 Gly Asp Ser Asp Asn Glu Ser
 180

【 0 4 3 4 】

<210> 109

<211> 3460

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (256)..(1857)

<400> 109

ccctaccgcc cccaattccg ccctgcccc gccgcggcgg cgctagccgc cactgaggga 60
 ccgaccctat aaaggccgct ccgcgagggg tgcgcagcat tcggcagagg gcgcttcgac 120

gggctgggct gtgcgcctgc gcagtgtggg tcgctcccga ttccctgccc cggccggccc 180
 cgcctcggct ccgcaccctc gccccgtctt cagccgccgc tctgccccgc agcagccagc 240
 cccgtgtccg gcagt atg ttc agc tgg gtc agc aag gat gcc cgc cgc aag 291

Met Phe Ser Trp Val Ser Lys Asp Ala Arg Arg Lys

1 5 10

aag gag ccg gag ctg ttc cag acg gtc gcc gag ggg ctg cgg cag ctg 339
 Lys Glu Pro Glu Leu Phe Gln Thr Val Ala Glu Gly Leu Arg Gln Leu

15 20 25

tac gcg cag aag ctg cta ccc ctg gag gag cac tac cgc ttc cac gag 387
 Tyr Ala Gln Lys Leu Leu Pro Leu Glu Glu His Tyr Arg Phe His Glu

30 35 40

ttc cac tcg ccc gcr ctg gag gac gct gac ttc gac aac aag cct atg 435
 Phe His Ser Pro Xaa Leu Glu Asp Ala Asp Phe Asp Asn Lys Pro Met

45 50 55 60

gtg ctg ctg gtg rgg cag tac agc acg ggc aag acc acc ttc atc cga 483
 Val Leu Leu Val Xaa Gln Tyr Ser Thr Gly Lys Thr Thr Phe Ile Arg

65 70 75

cac ctg atc gag cag gac ttc ccg ggg atg cgc atc ggg ccc gag ccc 531
 His Leu Ile Glu Gln Asp Phe Pro Gly Met Arg Ile Gly Pro Glu Pro

80 85 90

acc acc gac tcc ttc atc gcc gtc atg cac ggc ccc act gag ggc gtg 579
 Thr Thr Asp Ser Phe Ile Ala Val Met His Gly Pro Thr Glu Gly Val

95 100 105

gtg ccg ggc aac gcg ctg gtg gtg gac ccg cgg cgc ccc ttc cgc aag 627
 Val Pro Gly Asn Ala Leu Val Val Asp Pro Arg Arg Pro Phe Arg Lys

110 115 120

ctc aac gcg ttt ggc aac gct ttc ctg aac agg ttc atg tgt gcc cag 675
 Leu Asn Ala Phe Gly Asn Ala Phe Leu Asn Arg Phe Met Cys Ala Gln

125 130 135 140

ctg ccc aac ccc gtc ctg gac agc atc agc atc atc gac acc ccc ggg	723
Leu Pro Asn Pro Val Leu Asp Ser Ile Ser Ile Ile Asp Thr Pro Gly	
145 150 155	
atc ctg tct gga gag aag cag cgg atc agc aga ggc tat gac ttt gca	771
Ile Leu Ser Gly Glu Lys Glu Arg Ile Ser Arg Gly Tyr Asn Phe Ala	
160 165 170	
gcc gtc ctg gag tgg ttc gcg gag cgt gtg gac cgc atc atc ctg ctc	819
Ala Val Leu Glu Trp Phe Ala Glu Arg Val Asp Arg Ile Ile Leu Leu	
175 180 185	
ttc gac gcc cac aag ctg gac atc tcc gat gag ttc tcg gaa gtg atc	867
Phe Asp Ala His Lys Leu Asp Ile Ser Asp Glu Phe Ser Glu Val Ile	
190 195 200	
aag gct ctg aag aac cat gag gac aag atc cgc gtg gtg ctg aac aag	915
Lys Ala Leu Lys Asn His Glu Asp Lys Ile Arg Val Val Leu Asn Lys	
205 210 215 220	
gca gac cag atc gag acg cag cag ctg atg cgg gtg tac ggg gcc ctc	963
Ala Asp Gln Ile Glu Thr Gln Gln Leu Met Arg Val Tyr Gly Ala Leu	
225 230 235	
atg tgg tcc ctg ggc aag atc atc aac acc ccc gag gtg gtc agg gtc	1011
Met Trp Ser Leu Gly Lys Ile Ile Asn Thr Pro Glu Val Val Arg Val	
240 245 250	
tac atc ggc tcc ttc tgg tcc cac ccg ctc ctc atc ccc gac aac cgc	1059
Tyr Ile Gly Ser Phe Trp Ser His Pro Leu Leu Ile Pro Asp Asn Arg	
255 260 265	
aag ctc ttt gag gcc gag gag cag gac ctc ttc aag gac atc cag tca	1107
Lys Leu Phe Glu Ala Glu Glu Gln Asp Leu Phe Lys Asp Ile Gln Ser	
270 275 280	
ctg ccc cga aac gcc gcc ctc agg aag ctc aat gac ctg atc aag cgg	1155
Leu Pro Arg Asn Ala Ala Leu Arg Lys Leu Asn Asp Leu Ile Lys Arg	

285	290	295	300	
gca cgg ctg gcc aag gtt cac gcc tac atc atc agc tcc ctc aag aaa				1203
Ala Arg Leu Ala Lys Val His Ala Tyr Ile Ile Ser Ser Leu Lys Lys				
305	310	315		
gag atg ccc aat gtc ttt ggt aaa gag agc aaa aag aaa gag ctg gtg				1251
Glu Met Pro Asn Val Phe Gly Lys Glu Ser Lys Lys Lys Glu Leu Val				
320	325	330		
aac aac ctg gga gag atc tac cag aag att gag cgc gag cac cag atc				1299
Asn Asn Leu Gly Glu Ile Tyr Gln Lys Ile Glu Arg Glu His Gln Ile				
335	340	345		
tcc cct ggg gac ttc ccg agc ctc cgc aag atg cag gaa ctc ctg cag				1347
Ser Pro Gly Asp Phe Pro Ser Leu Arg Lys Met Gln Glu Leu Leu Gln				
350	355	360		
acc cag gac ttc agc aag ttc cag gcg ctg aag ccc aag ctg ctg gac				1395
Thr Gln Asp Phe Ser Lys Phe Gln Ala Leu Lys Pro Lys Leu Leu Asp				
365	370	375	380	
acg gtg gat gac atg ctg gcc aac gac atc gcg cgg ctg atg gtg atg				1443
Thr Val Asp Asp Met Leu Ala Asn Asp Ile Ala Arg Leu Met Val Met				
385	390	395		
gtg cgg cag gag gag tcc ctg atg cct tcc cag gtg gtc aag ggc ggc				1491
Val Arg Gln Glu Glu Ser Leu Met Pro Ser Gln Val Val Lys Gly Gly				
400	405	410		
gcc ttt gac ggc acc atg aac ggg ccg ttc ggg cac ggc tac ggc gag				1539
Ala Phe Asp Gly Thr Met Asn Gly Pro Phe Gly His Gly Tyr Gly Glu				
415	420	425		
ggg gcc ggc gag ggc atc cac gac gtg gag tgg gtg gtg ggc aag gac				1587
Gly Ala Gly Glu Gly Ile His Asp Val Glu Trp Val Val Gly Lys Asp				
430	435	440		
aag ccc acc tac gac gag atc ttc tac acg ctg tcc cct gtc aac ggc				1635

Lys Pro Thr Tyr Asp Glu Ile Phe Tyr Thr Leu Ser Pro Val Asn Gly
 445 450 455 460
 aag atc acg ggc gcc aac gcc aag aag gag atg gtg aag tcc aag ctc 1683
 Lys Ile Thr Gly Ala Asn Ala Lys Lys Glu Met Val Lys Ser Lys Leu
 465 470 475
 ccc aac acc gtg cta ggg aag atc tgg aag ctg gcc gac gtg gac aag 1731
 Pro Asn Thr Val Leu Gly Lys Ile Trp Lys Leu Ala Asp Val Asp Lys
 480 485 490
 gac ggg ctg ctg gac gac gag gag ttc gcg ctg gcc aac cac ctc atc 1779
 Asp Gly Leu Leu Asp Asp Glu Glu Phe Ala Leu Ala Asn His Leu Ile
 495 500 505
 aag gtc aag ctg gag ggc cac gag ctg ccc gcc gac ctg ccc ccg cac 1827
 Lys Val Lys Leu Glu Gly His Glu Leu Pro Ala Asp Leu Pro Pro His
 510 515 520
 ctg gtg ccg ccc tcc aag cgc aga cat gag tgatggcgcc cggccccgca 1877
 Leu Val Pro Pro Ser Lys Arg Arg His Glu
 525 530
 cctgccattt gcacgcccgg ccgggaggca gagacggggg gaggggaagc ctcaccattt 1937
 ctcaaggctc ataaagactg agcggatgtt tcctcgcctc tcgaaaagga aaaccacat 1997
 ctttctttta aggctgttcc tgggcctggc gggggaggca ggggtgagag gatggaattg 2057
 tgtgcacaag aactgtggct attttaatat ataacgttag aggctgcgtt ctttgtcgcc 2117
 gcctcccctg tgtgccagcc ctgtgtgcac ggcctctgcc ccccggcctt gtgctgtggc 2177
 tggagctgga cagtgcagt actgcgaccg tgggggagcc aggtcgccct tttggcagct 2237
 gctaggctga ggctgcatgg acaggaacac caggcaccct ccgtgtgctt ctgagctgag 2297
 gttgcttcac gggaccgtgg cttccttcc cacttggtc tccttcccc gtgctctcgg 2357
 gcgaagtggg ttcttgtgcc ttcccctccc gggcccaggc tcccgtgcg cgggccctgc 2417
 ctttcttcc cgcgccccac cggctccgac gcgcaacccc gctcagcagt cacagaagca 2477
 gggcccagcc accttggctt ttttttggga gttcagggga gtaggagaat gtcttccaga 2537
 aaaatacata agctagtctt tgttctgtaa agtgatatct ttcatacttg accaaagtct 2597

ccaataactt cccaaccact gttcaaaagc tgtgattttt gtctcccctt cccaccctcc 2657
agccaaggag cagccctgcc caggggaatt taggtgtggg taccgggga gcaccccggt 2717
cctggacccc agtgttgcatt ttcctggctg aggaagggtg gtcattcccag ctccctgccct 2777
acctctcac ttaactggag ctttgggacg caccctccac agtgggaggt ggtggtgggg 2837
tggcgggtggc ggggcctcac gacagcttgg tgctggtaag aggaagcccg tggttctggc 2897
taggcctcctc tgtccagaca gcggggacca ggggaaaacc cagccccctt tgtaattcccc 2957
cttcatttcc taccttcttt cctcctctgt ttagcaaagg agggcagctc acttggatgt 3017
ccttacaacg cccctggccc caggttgagc aataagaaac cagaacctg cggcccagtg 3077
gcccgggcca gttcaggccg cctccccctc ctctgcctgg ggccattgag cccagcctc 3137
caggggcccg ggtgcgtttg caagccagtg gccactgtcc gggctgtgat ggcaccaagg 3197
caggtggagc accaggtacc acacagctgg gcttcccacc aggtttccc gcgggggtct 3257
cagggagctt ctcccagcg ctgctcggag tctgcaggaa ctggccttgt tctccttagc 3317
ccgtcactcc atacagtatt aggtgaggat ggatgcgggc gctgtccttg ccgggaagtc 3377
actgttgaag ttgcagtggc ttgttcacac ctgtgggaag agaagtgaag actttctcct 3437
tgcattaaaa agtctgaact gtg 3460

【0 4 3 5】

<210> 110

<211> 534

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 110

Met Phe Ser Trp Val Ser Lys Asp Ala Arg Arg Lys Lys Glu Pro Glu

1

5

10

15

Leu Phe Gln Thr Val Ala Glu Gly Leu Arg Gln Leu Tyr Ala Gln Lys

20

25

30

Leu Leu Pro Leu Glu Glu His Tyr Arg Phe His Glu Phe His Ser Pro

35

40

45

Xaa Leu Glu Asp Ala Asp Phe Asp Asn Lys Pro Met Val Leu Leu Val

50

55

60

Xaa Gln Tyr Ser Thr Gly Lys Thr Thr Phe Ile Arg His Leu Ile Glu
 65 70 75 80
 Gln Asp Phe Pro Gly Met Arg Ile Gly Pro Glu Pro Thr Thr Asp Ser
 85 90 95
 Phe Ile Ala Val Met His Gly Ile Thr Glu Gly Val Val Ile Gly Asn
 100 105 110
 Ala Leu Val Val Asp Pro Arg Arg Pro Phe Arg Lys Leu Asn Ala Phe
 115 120 125
 Gly Asn Ala Phe Leu Asn Arg Phe Met Cys Ala Gln Leu Pro Asn Pro
 130 135 140
 Val Leu Asp Ser Ile Ser Ile Ile Asp Thr Pro Gly Ile Leu Ser Gly
 145 150 155 160
 Glu Lys Gln Arg Ile Ser Arg Gly Tyr Asp Phe Ala Ala Val Leu Glu
 165 170 175
 Trp Phe Ala Glu Arg Val Asp Arg Ile Ile Leu Leu Phe Asp Ala His
 180 185 190
 Lys Leu Asp Ile Ser Asp Glu Phe Ser Glu Val Ile Lys Ala Leu Lys
 195 200 205
 Asn His Glu Asp Lys Ile Arg Val Val Leu Asn Lys Ala Asp Gln Ile
 210 215 220
 Glu Thr Gln Gln Leu Met Arg Val Tyr Gly Ala Leu Met Trp Ser Leu
 225 230 235 240
 Gly Lys Ile Ile Asn Thr Pro Glu Val Val Arg Val Tyr Ile Gly Ser
 245 250 255
 Phe Trp Ser His Pro Leu Leu Ile Pro Asp Asn Arg Lys Leu Phe Glu
 260 265 270
 Ala Glu Glu Gln Asp Leu Phe Lys Asp Ile Gln Ser Leu Pro Arg Asn
 275 280 285
 Ala Ala Leu Arg Lys Leu Asn Asp Leu Ile Lys Arg Ala Arg Leu Ala

290	295	300
Lys Val His Ala Tyr Ile Ile Ser Ser Leu Lys Lys Glu Met Pro Asn		
305	310	315
Val Phe Gly Lys Glu Ser Lys Lys Lys Glu Leu Val Asn Asn Leu Gly		320
325	330	335
Glu Ile Tyr Gln Lys Ile Glu Arg Glu His Gln Ile Ser Pro Gly Asp		
340	345	350
Phe Pro Ser Leu Arg Lys Met Gln Glu Leu Leu Gln Thr Gln Asp Phe		
355	360	365
Ser Lys Phe Gln Ala Leu Lys Pro Lys Leu Leu Asp Thr Val Asp Asp		
370	375	380
Met Leu Ala Asn Asp Ile Ala Arg Leu Met Val Met Val Arg Gln Glu		
385	390	395
Glu Ser Leu Met Pro Ser Gln Val Val Lys Gly Gly Ala Phe Asp Gly		400
405	410	415
Thr Met Asn Gly Pro Phe Gly His Gly Tyr Gly Glu Gly Ala Gly Glu		
420	425	430
Gly Ile His Asp Val Glu Trp Val Val Gly Lys Asp Lys Pro Thr Tyr		
435	440	445
Asp Glu Ile Phe Tyr Thr Leu Ser Pro Val Asn Gly Lys Ile Thr Gly		
450	455	460
Ala Asn Ala Lys Lys Glu Met Val Lys Ser Lys Leu Pro Asn Thr Val		
465	470	475
Leu Gly Lys Ile Trp Lys Leu Ala Asp Val Asp Lys Asp Gly Leu Leu		480
485	490	495
Asp Asp Glu Glu Phe Ala Leu Ala Asn His Leu Ile Lys Val Lys Leu		
500	505	510
Glu Gly His Glu Leu Pro Ala Asp Leu Pro Pro His Leu Val Pro Pro		
515	520	525

Ser Lys Arg Arg His Glu

530

【 0 4 3 6 】

<210> 111

<211> 1025

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (89)..(724)

<400> 111

ggtcggtgtg cttgtgaccc tgcctttgtg tggctgtcac cgggtgggact ggcggggact 60

gtgtgattaa cctccatttc agctaatac atg gga gag att aaa gtc tct cct 112

Met Gly Glu Ile Lys Val Ser Pro

1

5

gat tat aac tgg ttt aga ggt aca gtt ccc ctt aaa aag att att gtg 160

Asp Tyr Asn Trp Phe Arg Gly Thr Val Pro Leu Lys Lys Ile Ile Val

10

15

20

gat gat gat gac agt aag ata tgg tcg ctc tat gac gcg ggc ccc cga 208

Asp Asp Asp Asp Ser Lys Ile Trp Ser Leu Tyr Asp Ala Gly Pro Arg

25

30

35

40

agt atc agg tgt cct ctc ata ttc ctg ccc cct gtc agt gga act gca 256

Ser Ile Arg Cys Pro Leu Ile Phe Leu Pro Pro Val Ser Gly Thr Ala

45

50

55

gat gtc ttt ttc cgg cag att ttg gct ctg act gga tgg ggt tac cgg 304

Asp Val Phe Phe Arg Gln Ile Leu Ala Leu Thr Gly Trp Gly Tyr Arg

60

65

70

gtt atc gct ttg cag tat cca gtt tat tgg gac cat ctc gag ttc tgt 352

Val Ile Ala Leu Gln Tyr Pro Val Tyr Trp Asp His Leu Glu Phe Cys

75	80	85	
gat gga ttc aga aaa ctt tta gac cat tta caa ttg gat aaa gtt cat			400
Asp Gly Phe Arg Lys Leu Leu Asp His Leu Gln Leu Asp Lys Val His			
90	95	100	
ctt ttt ggc gct tct ttg gga ggc ttt ttg gcc cag aaa ttt gct gaa			448
Leu Phe Gly Ala Ser Leu Gly Gly Phe Leu Ala Gln Lys Phe Ala Glu			
105	110	115	120
tac act cac aaa tct cct aga gtc cat tcc cta atc ctc tgc aat tcc			496
Tyr Thr His Lys Ser Pro Arg Val His Ser Leu Ile Leu Cys Asn Ser			
125	130	135	
ttc agt gac acc tct atc ttc aac caa act tgg act gca aac agc ttt			544
Phe Ser Asp Thr Ser Ile Phe Asn Gln Thr Trp Thr Ala Asn Ser Phe			
140	145	150	
tgg ctg atg cct gca ttt atg ctc aaa aaa ata gtt ctt gga aat ttt			592
Trp Leu Met Pro Ala Phe Met Leu Lys Lys Ile Val Leu Gly Asn Phe			
155	160	165	
tca tct ggc ccg gtg gac cct atg atg gct gat gcc att gat ttc atg			640
Ser Ser Gly Pro Val Asp Pro Met Met Ala Asp Ala Ile Asp Phe Met			
170	175	180	
gta gac agg cta gaa agt ttg ggt cag agt gaa ctg gct tca aga ctt			688
Val Asp Arg Leu Glu Ser Leu Gly Gln Ser Glu Leu Ala Ser Arg Leu			
185	190	195	200
acc ttg aaa ttg tca aaa ttc tta tgt gga acc tca taaaattcgg			734
Thr Leu Lys Leu Ser Lys Phe Leu Cys Gly Thr Ser			
205	210		
ggacatacct gtaactatta tggatgtgtt tgatcagagt gcgctttcaa ctgaagctaa			794
agaagaaatg tacaagctgt atccctaattg ccccgaagag gctcatctga aaacaggagg			854
caatttccca tacctgtgca gaagtgcaga ggtcaatctt tatgtacaga tacatttgtc			914
kgcaattccw kggrggaccm aatacgcggc ctttgaccca tcaatgggtca gtgccgagga			974

gcttgaggtg cagaaaggca gccttggcat cagccaggag gagcagtagt gtgtctctcg 1034
 ctgtcaatga tgagttgacc cgggtgtgtc ttgtatagtc agtgggcatc agcaccggtt 1094
 cagccggcct tttccttcag gttcgtcagg ctcaccggtt ctcactgtgt ctgggaagta 1154
 ggactgatgg tcatcttcat gacaggcggc atctccacta agcctgtgta actgttccct 1214
 ctttggtttt cttagctttt gaatttgaap aaptactttt gaagactccc attttaagaa 1274
 ccgtgcaaat ttigtaccca aaagtcttca ccactgtgtt ctttaagtga tgtaatttc 1334
 tgaggtttgg gactttgtgg tggttttttt cttcttttct tttccattct tctttctttc 1394
 tttttatgtt gtttgcgtga aatgctgcac atccagattg catacagga cattggttat 1454
 tttatgcttt cttggatata accatgatca gaggccatg gccactaccc cactgtttgc 1514
 tctcctgcaa atcaactgct ttttaatttac acttaaacaa attgttttga gtgttagcta 1574
 ctgcctttct agatattagt catttggaat aaaaattcaa tttcactg 1622

【 0 4 3 7 】

<210> 112

<211> 212

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 112

Met Gly Glu Ile Lys Val Ser Pro Asp Tyr Asn Trp Phe Arg Gly Thr

1 5 10 15

Val Pro Leu Lys Lys Ile Ile Val Asp Asp Asp Asp Ser Lys Ile Trp

20 25 30

Ser Leu Tyr Asp Ala Gly Pro Arg Ser Ile Arg Cys Pro Leu Ile Phe

35 40 45

Leu Pro Pro Val Ser Gly Thr Ala Asp Val Phe Phe Arg Gln Ile Leu

50 55 60

Ala Leu Thr Gly Trp Gly Tyr Arg Val Ile Ala Leu Gln Tyr Pro Val

65 70 75 80

Tyr Trp Asp His Leu Glu Phe Cys Asp Gly Phe Arg Lys Leu Leu Asp

85 90 95

His Leu Gln Leu Asp Lys Val His Leu Phe Gly Ala Ser Leu Gly Gly
 100 105 110
 Phe Leu Ala Gln Lys Phe Ala Glu Tyr Thr His Lys Ser Pro Arg Val
 115 120 125
 His Ser Leu Ile Leu Cys Asn Ser Phe Ser Asp Thr Ser Ile Phe Asn
 130 135 140
 Gln Thr Trp Thr Ala Asn Ser Phe Trp Leu Met Pro Ala Phe Met Leu
 145 150 155 160
 Lys Lys Ile Val Leu Gly Asn Phe Ser Ser Gly Pro Val Asp Pro Met
 165 170 175
 Met Ala Asp Ala Ile Asp Phe Met Val Asp Arg Leu Glu Ser Leu Gly
 180 185 190
 Gln Ser Glu Leu Ala Ser Arg Leu Thr Leu Lys Leu Ser Lys Phe Leu
 195 200 205
 Cys Gly Thr Ser
 210

【 0 4 3 8 】

<210> 113
 <211> 2391
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens
 <220>
 <221> CDS
 <222> (1)..(360)
 <220>
 <221> unsure
 <222> (49)
 <223> g or t
 <220>

<221> unsure

<222> (51)

<223> a or t

<220>

<221> unsure

<222> (54)

<223> t or c

<220>

<221> unsure

<222> (55)

<223> g or t

<220>

<221> unsure

<222> (56)

<223> g or t

<220>

<221> unsure

<222> (91)

<223> g or c

<220>

<221> unsure

<222> (101)

<223> t or c

<220>

<221> unsure

<222> (103)

<223> g or t

<220>

<221> unsure

<222> (325)

<223> t r c

<220>

<221> unsure

<222> (425)

<223> g or t

<220>

<221> unsure

<222> (688)

<223> g or c

<220>

<221> unsure

<222> (1459)

<223> g or t

<220>

<221> unsure

<222> (1705)

<223> g or t

<400> 113

gac ccg ttc cat gca gtt gta tac ata gtg ttc atg ctg ggc tcc tgt 48

Asp Pro Phe His Ala Val Val Tyr Ile Val Phe Met Leu Gly Ser Cys

1 5 10 15

kcw tty kkc tcc aaa acg tgg att gag gtc tca ggt tcc tct scc aaa 96

Xaa Xaa Xaa Ser Lys Thr Trp Ile Glu Val Ser Gly Ser Ser Xaa Lys

20 25 30

gat gyt kca aag cag ctg aag gag cag cag atg gtg atg aga ggc cac 144

Asp Xaa Xaa Lys Gln Leu Lys Glu Gln Gln Met Val Met Arg Gly His

35 40 45

cga gag acc tcc atg gtc cat gaa ctc aac cgg tac atc ccc aca gcc 192

Arg Glu Thr Ser Met Val His Glu Leu Asn Arg Tyr Ile Pro Thr Ala
50 55 60
gcg gcc ttt ggt ggg ctg tgc atc ggg gcc ctc tcg gtc ctg gct gac 240
Ala Ala Phe Gly Gly Leu Cys Ile Gly Ala Leu Ser Val Leu Ala Asp
65 70 75 80
ttc cta ggc gcc att ggg tct gga acc ggg atc ctg ctc gca gtc aca 288
Phe Leu Gly Ala Ile Gly Ser Gly Thr Gly Ile Leu Leu Ala Val Thr
85 90 95
atc atc tac cag tac ttt gag atc ttc gtt aag gag yaa agc gag gtt 336
Ile Ile Tyr Gln Tyr Phe Glu Ile Phe Val Lys Glu Xaa Ser Glu Val
100 105 110
ggc agc atg ggg gcc ctg ctc ttc tgagcccgct tcccggacag gttgaggaag 390
Gly Ser Met Gly Ala Leu Leu Phe
115 120
ctgctccaga agcgccctcg aaggggagct ctacatgg cgctgctgc tgcggcatat 450
ggacttttaa taatgtgttt tgaatttcgt attctttcat tccactgtgt aaagtgtag 510
acattttcca atttaaaatt ttgcttttta tcctggcact ggcaaaaaga actgtgaaag 570
tgaaatttta ttcagccgac tgccagagaa gtgggaatgg tataggattg tccccaagtg 630
tccatgtaac ttttgtttta acctttgcac cttctcagt ctgtatgcgg ctgcagcstc 690
ctcacctgtt tccccacaaa gggaatttct cactctgggt ggaagcacia acacctggaa 750
atgtctacgt ttcattttgg caagtarggt gtgaagcctg ggagcagatc atgtatttcc 810
cggagacgtg ggaccttgct ggcatgtctc cttcacaatc aggcgtggga atatctggct 870
taggactgtt tctctctaag acaccattgt tttcccttat tttaaaagtg atttttttaa 930
ggacagaact tcttccaaaa gagagggatg gctttcccag aagacactcc tggccatctg 990
tggatttgtc tgtgcaccta ttggctcttc tagctgactc ttctggttgg gcttagagtc 1050
tgcctgtttc tgctagctcc gtgttttagtc cacttgggtc atcagctctg ccaagctgag 1110
cctggccaag ctaggtggac agacccttgc agtgatgtcc gtttgtccag attctgccag 1170
tcacactgg acacgtctcc tcggcagctg ccctagcaag gggagacatt gtggtagcta 1230
tcagacatgg acagaaactg acttagtgct cacaagcccc tacaccttc tgggctgaag 1290

atcaccacgc tgtgttcaga attttcttac tgtgcttagg actgcacgca agtracgaga 1350
 caccaccgac ttcttttctg cgtcaccagt gtcgtcagca gagagaggac agcacaggct 1410
 caaggttggt agtgaagica gggtcggggt gcatgggctg tgggtggtgkt gatcagttgc 1470
 tccagtgttt gaaataagaa gactcatgtt tatgtctgga ataagttctg tttgtgctga 1530
 cagggtggcct aggtcctgga gatgagcacc ctctctctgg cctttaggga gtccccctctt 1590
 aggacaggca ctgcccagca gcaagggcag cagagttggg tgctaagatc ctgaggagct 1650
 cgaggtttctg agctggcctt agacattggt gggaccaagg atgttttgca ggatkccttg 1710
 atcctaagaa gggggcctgg ggggtcgtgc agcctgtcgg ggagacccca ctctgacagt 1770
 gggcacacgg cagcctgcaa agcacagggc caccgccaca gcccggcaga ggggcacact 1830
 ctggagacct tgctggcagt gctagccagg aaacagagt accaaggagc aagaaggagc 1890
 ttgcctaaag ccaccagca actcagcagc agaaccaaga tgggccccag gctcctccat 1950
 atggcccagg gcttaccacc ctatcacacg tggcctttgt cctagacca gtcctgagca 2010
 ggggagaggc tcttgagacc tgatgccctc ctaccacat ggttctccca ctgccctgtc 2070
 tgctctgctg ctacagaggg gcagggcctc cccagccca cgcttaggaa tgcttggcct 2130
 ctggcaggca ggcagctgta cccaagctgg tgggcagggg gctggaaggc accaggcctc 2190
 aggaggagcc ccatagtccc gcctgcagcc tgtaaccatc ggctgggccc tgcaaggccc 2250
 acactcacgc cctgtgggtg atggtcacgg tgggtgggtg ggggctgacc ccagcttcca 2310
 ggggactgtc actgtggacg ccaaaatggc ataactgaga taaggtgaat aagtgacaaa 2370
 taaagccagt tttttacaag g 2391

【 0 4 3 9 】

<210> 114

<211> 120

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220>

<221> unsure

<222> (17)

<223> unknown

<220>

<221> unsure

<222> (18)

<223> unknown

<220>

<221> unsure

<222> (19)

<223> unknown

<220>

<221> unsure

<222> (31)

<223> unknown

<220>

<221> unsure

<222> (109)

<223> unknown

<400> 114

Asp Pro Phe His Ala Val Val Tyr Ile Val Phe Met Leu Gly Ser Cys

1 5 10 15

Xaa Xaa Xaa Ser Lys Thr Trp Ile Glu Val Ser Gly Ser Ser Xaa Lys

20 25 30

Asp Xaa Xaa Lys Gln Leu Lys Glu Gln Gln Met Val Met Arg Gly His

35 40 45

Arg Glu Thr Ser Met Val His Glu Leu Asn Arg Tyr Ile Pro Thr Ala

50 55 60

Ala Ala Phe Gly Gly Leu Cys Ile Gly Ala Leu Ser Val Leu Ala Asp

65 70 75 80

Phe Leu Gly Ala Ile Gly Ser Gly Thr Gly Ile Leu Leu Ala Val Thr

85 90 95

Ile Ile Tyr Gln Tyr Phe Glu Ile Phe Val Lys Glu Xaa Ser Glu Val

100 105 110
Gly Ser Met Gly Ala Leu Leu Phe

115 120

【 0 4 4 0 】

<210> 115

<211> 599

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 115

gggtatggaa ttggctgagg atcaaacgta tgtaggtgaa aggataccag gatgttgcta 60
aaggtgaggg acagtttggg tttgggactt accgggggtga tgtagatct ggaacccccca 120
agtgaggctg gagggagtta aggtcagtat ggaagatagg gttgggacag ggtgcttttg 180
aatgaaagag tgaccttaga gggctccttg ggcctcagga atgctcctgc tgctgtgaag 240
atgagaaggt gctcttactc agttaatgat gagtgactat atttacaaa gccctacct 300
gctgctgggt cccttgttagc acaggagact tgggctaagg gccctccca gggaagggac 360
accatcaggc ctctggctga ggcagtagca tagaggatcc atttctacct gcatttccca 420
gaggactagc aggaggcagc cttagaaaac cggcagttcc caaagccagc gcctggctgt 480
tctctcattg tcactgccct ctccccaacc tctcctctaa ccactagag attgcctgtg 540
tcctgcctct tgcctcttgt agaatgcagc tctggccctc aataaatgct tcctgcatt 599

【 0 4 4 1 】

<210> 116

<211> 364

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> unsure

<222> (134)

<223> a, c, g or t

<220>

<221> unsure

<222> (135)

<223> a, c, g or t

<220>

<221> unsure

<222> (179)

<223> g or a

<400> 116

ttcgatcaca tagttcctca ttcccaccga agtgcacgaa atggcagtag aaatcactat 60

acagtgcctc caggggtgca ttggtgggaa tgagaatagt gatgaagtag aaatgtctgc 120

cacagttcca gganngggta ggtagcagtg tgtgtgttat gtgccactga ccctgaaara 180

tgtgccatag cccaagccaa ttgaaattga tcagggggcc aggcacgttg gctcatgcct 240

gtaatcccag caccttggga agctgaggtg ggaggattgc ttgaaaccag gagttcaaga 300

ccagcctgtg caacatagca aaaccccatc tctacaaaga ttaaaaataa aaaattagct 360

gggc 364

【 0 4 4 2 】

<210> 117

<211> 852

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (26)..(217)

<220>

<221> unsure

<222> (37)

<223> a, c, g o1 1

<400> 117

gttcagtttc aagtttaca gaggc atg gat gga gtn gtg acg ttc ttg aca 52

Met Asp Gly Xaa Val Thr Phe Leu Thr

1

5

agc tgg gct aac ctt tcc cga act tgt ttc ccg gag gca agg tgc tcg 100

Ser Trp Ala Asn Leu Ser Arg Thr Cys Phe Pro Glu Ala Arg Cys Ser

10

15

20

25

gtg acc cag cgc atc tta acc ttg ggt ctc cta ggc tcg agg cta ggg 148

Val Thr Gln Arg Ile Leu Thr Leu Gly Leu Leu Gly Ser Arg Leu Gly

30

35

40

cat tac gtt tcg tgg aac caa agc agc caa ttg cat agc aag tat ttt 196

His Tyr Val Ser Trp Asn Gln Ser Ser Gln Leu His Ser Lys Tyr Phe

45

50

55

cct gca ttc caa tta aat gct taagaaaaag cagcatccta taaaattgtg 247

Pro Ala Phe Gln Leu Asn Ala

60

atcataaaca tccatttccc tcagcttttg tgagtgcctt gacttacagc caacatcact 307

gtttaactca gtctgtttta aaacaaactt ttctggtggt tgataacaga gagttgctcc 367

ctgagccatc agggtcctgg gagctggaag tgaaagggtt attaacattc tacctttatg 427

cagctgtttg ctgaccagaa taaactccct gctgagtcca agctttgaat ggaatggatg 487

caaatgatgt tgtttccatt agagcaggtg ctcacagcat tctgattggc ctgagcagac 547

cgaggctatg gctgttggga caagcttagc atcctggaca tcttgtcaaa gaacctcact 607

caccctctg gcctctacag cctcagagg agagaaaacc aattctccaa caaacaggtc 667

tctccaacat ggtgggtgctg gcaggcttag gtttagaaaa tcctgactgt taaaggcgtt 727
 tgaatacatc acattcctat gcaaagtgtt ttaatctcca gtttaatgta gtttattttt 787
 cctatatgta aagtattttt atacggcttg tatcatgata gtttagcaat aaaacagttg 847
 gaagc 852

【 0 4 4 3 】

<210> 118

<211> 64

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220>

<221> unsure

<222> (4)

<223> unknown

<400> 118

Met	Asp	Gly	Xaa	Val	Thr	Phe	Leu	Thr	Ser	Trp	Ala	Asn	Leu	Ser	Arg
1				5					10					15	
Thr	Cys	Phe	Pro	Glu	Ala	Arg	Cys	Ser	Val	Thr	Gln	Arg	Ile	Leu	Thr
				20					25					30	
Leu	Gly	Leu	Leu	Gly	Ser	Arg	Leu	Gly	His	Tyr	Val	Ser	Trp	Asn	Gln
				35					40					45	
Ser	Ser	Gln	Leu	His	Ser	Lys	Tyr	Phe	Pro	Ala	Phe	Gln	Leu	Asn	Ala
				50					55					60	

【 0 4 4 4 】

<210> 119

<211> 1156

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (524)..(1105)

<220>

<221> unsure

<222> (10)

<223> a or t

<400> 119

cggcaactgw gaggaagcaa agggaaaaaa actccattaa aaagcccagc tttcctccat 60
 gttagatgtg acttggaata tgagaaagat ttagcaaaat tccaccgtat cttttgccag 120
 gctagagaca gggagagcag agtaaaaccc tcaggctgct gaaatttcta ggctgttagg 180
 aagccccctcg aattctgtga aaatgagggt ttcttaactc acactgagag cggaaagggg 240
 cagacccttt tcataactcc ctcaagtgtg tgttaccttt ctttaccagc atggtaagca 300
 acaggacata tcccagcctc ggacatgtct gtatgatcca aggtacccaa agtcagacag 360
 agtaaaactca agcctggcac tggctttctg ccgcttcattg tgctttggaa aaagcaggag 420
 aagcaatagc agcaggagtc cccagcagct ggagccgcaa gaatgaactg caaagaggga 480
 actgacagca gctgcggctg cagggggcaa cgacgagaag aag atg ttg aag tgt 535

Met Leu Lys Cys

1

gtg gtg gtg ggg gac ggt gcc gtg ggg aaa acc tgc ctg ctg atg agc 583
 Val Val Val Gly Asp Gly Ala Val Gly Lys Thr Cys Leu Leu Met Ser
 5 10 15 20
 tac gcc aac gac gcc ttc cca gag gaa tac gtg ccc act gtg ttt gac 631
 Tyr Ala Asn Asp Ala Phe Pro Glu Glu Tyr Val Pro Thr Val Phe Asp
 25 30 35
 cac tat gca gtt act gtg act gtg gga ggc aag caa cac ttg ctc gga 679
 His Tyr Ala Val Thr Val Thr Val Gly Gly Lys Gln His Leu Leu Gly
 40 45 50
 ctg tat gac acc gcg gga cag gag gac tac aac cag ctg agg cca ctc 727
 Leu Tyr Asp Thr Ala Gly Gln Glu Asp Tyr Asn Gln Leu Arg Pro Leu
 55 60 65

tcc tac ccc aac acg gat gtg ttt ttg atc tgc ttc tct gtc gta aac	775
Ser Tyr Pro Asn Thr Asp Val Phe Leu Ile Cys Phe Ser Val Val Asn	
70 75 80	
cct gcc tct tac cac aat gtc cag gag gaa tgg gtc ccc gag ctc aag	823
Pro Ala Ser Tyr His Asn Val Gln Gln Glu Thr Val Pro Glu Leu Lys	
85 90 95 100	
gac tgc atg cct cac gtg cct tat gtc ctc ata ggg acc cag att gat	871
Asp Cys Met Pro His Val Pro Tyr Val Leu Ile Gly Thr Gln Ile Asp	
105 110 115	
ctc cgt gat gac cca aaa acc ttg gcc cgt ttg ctg tat atg aaa gag	919
Leu Arg Asp Asp Pro Lys Thr Leu Ala Arg Leu Leu Tyr Met Lys Glu	
120 125 130	
aaa cct ctc act tac gag cat ggt gtg aag ctc gca aaa gcg atc gga	967
Lys Pro Leu Thr Tyr Glu His Gly Val Lys Leu Ala Lys Ala Ile Gly	
135 140 145	
gca cag tgc tac ttg gaa tgt tca gct ctg act cag aaa ggt ctc aaa	1015
Ala Gln Cys Tyr Leu Glu Cys Ser Ala Leu Thr Gln Lys Gly Leu Lys	
150 155 160	
gcg gtt ttt gat gaa gca atc ctc acc att ttc cac ccc aag aaa aag	1063
Ala Val Phe Asp Glu Ala Ile Leu Thr Ile Phe His Pro Lys Lys Lys	
165 170 175 180	
aag aaa cgc tgt tct gag ggt cac agc tgc tgt tca att atc	1105
Lys Lys Arg Cys Ser Glu Gly His Ser Cys Cys Ser Ile Ile	
185 190	
tgaggttgctc tgggacctgc ctccacccca tccagggatg agaatggcag c	1156

【 0 4 4 5 】

<210> 120

<211> 194

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 120

Met	Leu	Lys	Cys	Val	Val	Val	Gly	Asp	Gly	Ala	Val	Gly	Lys	Thr	Cys
1				5					10					15	
Leu	Leu	Met	Ser	Tyr	Ala	Asn	Asp	Ala	Phe	Pro	Glu	Glu	Tyr	Val	Pro
				20				25						30	
Thr	Val	Phe	Asp	His	Tyr	Ala	Val	Thr	Val	Thr	Val	Gly	Gly	Lys	Gln
				35				40						45	
His	Leu	Leu	Gly	Leu	Tyr	Asp	Thr	Ala	Gly	Gln	Glu	Asp	Tyr	Asn	Gln
				50				55						60	
Leu	Arg	Pro	Leu	Ser	Tyr	Pro	Asn	Thr	Asp	Val	Phe	Leu	Ile	Cys	Phe
				65				70						75	
Ser	Val	Val	Asn	Pro	Ala	Ser	Tyr	His	Asn	Val	Gln	Glu	Glu	Trp	Val
				85					90					95	
Pro	Glu	Leu	Lys	Asp	Cys	Met	Pro	His	Val	Pro	Tyr	Val	Leu	Ile	Gly
				100					105					110	
Thr	Gln	Ile	Asp	Leu	Arg	Asp	Asp	Pro	Lys	Thr	Leu	Ala	Arg	Leu	Leu
				115					120					125	
Tyr	Met	Lys	Glu	Lys	Pro	Leu	Thr	Tyr	Glu	His	Gly	Val	Lys	Leu	Ala
				130					135					140	
Lys	Ala	Ile	Gly	Ala	Gln	Cys	Tyr	Leu	Glu	Cys	Ser	Ala	Leu	Thr	Gln
				145					150					155	
Lys	Gly	Leu	Lys	Ala	Val	Phe	Asp	Glu	Ala	Ile	Leu	Thr	Ile	Phe	His
				165					170					175	
Pro	Lys	Lys	Lys	Lys	Lys	Arg	Cys	Ser	Glu	Gly	His	Ser	Cys	Cys	Ser
				180					185					190	
Ile	Ile														

【 0 4 4 6 】

<210> 121

<211> 1732

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (2)..(259)

<220>

<221> unsure

<222> (28)

<223> a,c,g or t

<220>

<221> unsure

<222> (388)

<223> g or a

<220>

<221> unsure

<222> (631)

<223> a or t

<220>

<221> unsure

<222> (637)

<223> g or a

<220>

<221> unsure

<222> (638)

<223> g or a

<220>

<221> unsure

<222> (639)

<223> g or a

<400> 121

g gac att gag tcc aag gag cag gtg cgn acc ctc acg ggc cac gtg ggc 49
 Asp Ile Glu Ser Lys Glu Gln Val Xaa Thr Leu Thr Gly His Val Gly
 1 5 10 15
 acc gtc tat gcc ctg gcg gtc atc tcc acg cca gac cag acc aaa gtc 97
 Thr Val Tyr Ala Leu Ala Val Ile Ser Thr Pro Asp Gln Thr Lys Val
 20 25 30
 ttc agt gca tcc tac gac cgg tcc ctc agg gtc tgg agt atg gac aac 145
 Phe Ser Ala Ser Tyr Asp Arg Ser Leu Arg Val Trp Ser Met Asp Asn
 35 40 45
 atg atc tgc acg cag acc ctg ctg cgt cac cag ggc agt gtc acc gcg 193
 Met Ile Cys Thr Gln Thr Leu Leu Arg His Gln Gly Ser Val Thr Ala
 50 55 60
 ctg gct gtg tcc cgg ggc cga ctc ttc tca ggg gct gtg gat agc act 241
 Leu Ala Val Ser Arg Gly Arg Leu Phe Ser Gly Ala Val Asp Ser Thr
 65 70 75 80
 gtg aag gtt tgg act tgc taacaggatc caggccaggc tgtggtttcc 289
 Val Lys Val Trp Thr Cys
 85
 cctgaaccag ccctggacct ttctgagcca ggctggccac atggggtggt ctgagggttt 349
 ctgcctgccc cgtgggcata ggtggacagg ctctggcarg cgggcagtgc cctccccgtc 409
 ccatgctcgg cgagcctccc tctactcggc actgtccttg ctgcccagcc cctctctggg 469
 tgccaggtag gacgcttgcc ccggcccacc ctccatcccc accctccatc cccaccctag 529
 atggagcgag ggccttttta ctacacctttt ctaccgtttt tagactgtat gtagatttgg 589
 ttacctcctg gttgaaataa atgctccaca gactgtgaaa awaaaaarr r acaamtccctc 649
 gggacaaggg ggctgtgtgt ggccttgagg ttggtgtgca caggcactgg ctgctgtgag 709
 tgggggggca tggggcagtt tcctttggtg gaccccagga cttcggccca ctccggggct 769
 cccctccctg ctaggaggca actcgtcaca cccaagctgc tggcctccag tcccatctcc 829

cccaacacat gtgccccaa aaagtgagcc aggcacctct gtttcctgct gtttattgac 889
 agccgacgga gcgccttgcc cagacctccc ctgccacact gctggagccc agcctgtgcc 949
 gccctctgag gagaggcctg gggggacagc tgggcacgtc cactcgcagg gaaacacggg 1009
 gtgagacagc aggaaggggc cctgcacgcc gggacgccac ctccgccagc cgcctccacc 1069
 cgccccacac cacaatcctt ggttttcggc attttttaaa tttttttttt aagaaacgtc 1129
 aaagttgtgc ccaacacat ggatcagcaa acacgataga ggagaccagt cagtacttct 1189
 tggagggggc aggaggagag aggaaaaggg agggcgagaa tgaccacaca acacagcctt 1249
 ggacatgag cagaagcgtc cgtgggaact ccactggggt ggatgggctg cctgcacagc 1309
 ccctggagag ggggccaggc acaccctcag agggagctgc aagcccgtgg cctggcctgc 1369
 tacatgccct gcttccacgt ggctgccacg ctgacacacc cacattcacc aaaccacccc 1429
 gcgccctggg acgcagccac gccaggagga ggacacggcc gccgagagca aggcacaacc 1489
 tcgagttctt ggggcgcaga gaacttagga gagaagcacg gaggagcccc cggcagagca 1549
 cccgcccccg ggccccagcc ttccacctgt gctagcagcc tggggcctcc actctggccg 1609
 gaggaaggac cgcaggcaga cagcctgggc ctctaacagc ttttgtccgg agctagactt 1669
 cgtgtccttt cagttggtaa atggttttct atagaatcaa taatatttct ttctttaaat 1729
 ata 1732

【 0 4 4 7 】

<210> 122

<211> 86

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220>

<221> unsure

<222> (9)

<223> unknown

<400> 122

Asp Ile Glu Ser Lys Glu Gln Val Xaa Thr Leu Thr Gly His Val Gly

1

5

10

15

Thr Val Tyr Ala Leu Ala Val Ile Ser Thr Pro Asp Gln Thr Lys Val

	20		25		30
Phe	Ser	Ala	Ser	Tyr	Asp
Arg	Ser	Leu	Arg	Val	Trp
Ser	Met	Asp	Asn		
	35		40		45
Met	Ile	Cys	Thr	Gln	Thr
Leu	Leu	Arg	His	Gln	Gly
Ser	Val	Thr	Ala		
	50		55		60
Leu	Ala	Val	Ser	Arg	Gly
Arg	Leu	Phe	Ser	Gly	Ala
Val	Asp	Ser	Thr		
	65		70		75
					80
Val	Lys	Val	Trp	Thr	Cys

85

【 0 4 4 8 】

<210> 123
 <211> 603
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens
 <220>
 <221> CDS
 <222> (168)..(350)
 <220>
 <221> unsure
 <222> (343)
 <223> g or a
 <220>
 <221> unsure
 <222> (422)
 <223> t or c
 <220>
 <221> unsure
 <222> (457)
 <223> g or c

<400> 123

gttctttccc ccacctgcc acacctggg agaaaaaact agactttggc ttcagaaagc 60
acagatgtga ccagagctta ctaaagagac aactccacag ccctgggaac acactcttga 120
gccaaacttg gtigaagact aggtcttccc tggcaagtgc cggaaga atg gac tta 176

Met Asp Leu

1

ctg act ttt atc aac tct tct cac tgc caa ggc caa cag cat ctg agg 224
Leu Thr Phe Ile Asn Ser Ser His Cys Gln Gly Gln Gln His Leu Arg

5

10

15

tat agc ttt ttg gga gta cct gct ttc ttg cct cct gga gga tat ttt 272
Tyr Ser Phe Leu Gly Val Pro Ala Phe Leu Pro Pro Gly Gly Tyr Phe

20

25

30

35

ctg tcc tgg ggc ttc atg gcc cct ctc ttc cct gtt aca cat tgc tgt 320
Leu Ser Trp Gly Phe Met Ala Pro Leu Phe Pro Val Thr His Cys Cys

40

45

50

gct tca gag cct ttg cag ctg cra cct agt tgaatccaca taggsttcct 370
Ala Ser Glu Pro Leu Gln Leu Xaa Pro Ser

55

60

tccacacggt gggaaggatc ttgctgcttt cactcacagg accagggagt tyttcaatca 430
ggagggtgggt tttgttccc ttcaggscct tggcaacatc tagagacagt ttgattgcc 490
acgcctggag tgggatgtgt gtgctactgg catctagtgg ctgctaaaca tcctacactg 550
cataggatag tccccactac cccagccaa gaattatctg actccagggg tca 603

【 0 4 4 9 】

<210> 124

<211> 61

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<220>

<221> unsure

<222> (59)

<223> unknown

<400> 124

Met Asp Leu Leu Thr Phe Ile Asn Ser Ser His Cys Gln Gly Gln Gln

1 5 10 15

His Leu Arg Tyr Ser Phe Leu Gly Val Pro Ala Phe Leu Pro Pro Gly

20 25 30

Gly Tyr Phe Leu Ser Trp Gly Phe Met Ala Pro Leu Phe Pro Val Thr

35 40 45

His Cys Cys Ala Ser Glu Pro Leu Gln Leu Xaa Pro Ser

50 55 60

【 0 4 5 0 】

<210> 125

<211> 1289

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (775)..(1017)

<220>

<221> unsure

<222> (200)

<223> g or a

<400> 125

tatgcgagcc aatattgaga gaggaatttt gctgaggttt tctctgaggt ttttttgatg 60
ctttatagga aactattttt taaaaaaagc catttccac ccaaggacac agtggatgtg 120
ttttccctga ctccagcagg gcaaggaatg taaccgagag gttgtgtggg ctgggctctg 180
gtgccctctt ccctggcccr gaacacctct cctcctgatt cccttggcac cttgtctttc 240
tgtctgttta cctgtctccc tgcctgccca tctgcatctt ttgcagccca ctctgacttc 300

catctggggg ctgagaccac ccttgcctgc ccccttcttt ctgccttaag aatgtccttt 360
 taggctgggc atggttgtca cgcctgtaac cccagcactt tgggaggcgg agacgggcag 420
 ataacctgag gtcaggattt cgagaccaac ctgacctaca tggagaaact ccgcctctag 480
 taaaaataca aaattagccg ggcatggtgg tgcacgcctc taatcccagc tactcgggag 540
 gcctgaggcag gagaatcact tgaacccggg aagtgagppt tgcagtpagc caagaptaca 600
 ccactgcact ccagccctggg caacagagcg agactccgtc ttaaaaaaaaa aaaaaaaaaag 660
 aacgcccttt tactgtcctc atcatcccag tttgaggcag tgctggagtg gggaaggccg 720
 tcttagacca tagaggttgg aagacgtga gagatcatcc agcccagccc ctig atg 777
 Met
 1
 tta cag agc aga aga cag atg ccc aaa cag gag aag gca ctt gcc cac 825
 Leu Gln Ser Arg Arg Gln Met Pro Lys Gln Glu Lys Ala Leu Ala His
 5 10 15
 ggt cat acg gca ggt tgc cac aaa acc aag atg gca gcc ctt cct cag 873
 Gly His Thr Ala Gly Cys His Lys Thr Lys Met Ala Ala Leu Pro Gln
 20 25 30
 cgt gcc tca ctg cca ctc cca gag cca ggg agc ccc ata aaa ccc aca 921
 Arg Ala Ser Leu Pro Leu Pro Glu Pro Gly Ser Pro Ile Lys Pro Thr
 35 40 45
 tca tgt ctt aag agt ata tct ggc tcc ttg acc agc aat cgg ccc tgg 969
 Ser Cys Leu Lys Ser Ile Ser Gly Ser Leu Thr Ser Asn Arg Pro Trp
 50 55 60 65
 gag cca cca ggt ggg aaa agc gcc tct gcc aga gtc cag gcc ttg gga 1017
 Glu Pro Pro Gly Gly Lys Ser Ala Ser Ala Arg Val Gln Ala Leu Gly
 70 75 80
 tgacagacag cttgcccga cactcgggcc ccactcaagg atgtagggcc ttttctggcc 1077
 cctgaccctt ccctgggcat tgggagcgtg gggacggggc tggccttggg aggagcggca 1137
 ggggcatcac ctctttctgc tgcttctccc tgctcctacc ctcaagggcc tgggggctgc 1197
 ccagctgcct ctatgccctt ctgggggtct cagcccactg ctgacacttc tgcaatccag 1257

agaaacacta aataaagcaa tacgtgtttg cc

1289

【 0 4 5 1 】

<210> 126

<211> 81

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 126

Met Leu Gln Ser Arg Arg Gln Met Pro Lys Gln Glu Lys Ala Leu Ala

1

5

10

15

His Gly His Thr Ala Gly Cys His Lys Thr Lys Met Ala Ala Leu Pro

20

25

30

Gln Arg Ala Ser Leu Pro Leu Pro Glu Pro Gly Ser Pro Ile Lys Pro

35

40

45

Thr Ser Cys Leu Lys Ser Ile Ser Gly Ser Leu Thr Ser Asn Arg Pro

50

55

60

Trp Glu Pro Pro Gly Gly Lys Ser Ala Ser Ala Arg Val Gln Ala Leu

65

70

75

80

Gly

【 0 4 5 2 】

<210> 127

<211> 1085

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (734)..(886)

<220>

<221> unsure

<222> (276)

<223> g or t

<400> 127

```

ttttgagaca gagttttgct ctcatggccc aggcctggagt gcggtggtgc tatttcagct 60
caccacacac tctgcccc gggctccaga gattctctc ccttagccct ccgaatagct 120
ggaattacag gcacgcacca ccatgcctga ctaattttgt attttttagta gacatggggt 180
ttctccatgt tggctcaggct ggtctcaaac tcccaccttc aggtgatccg cccacctcgg 240
cctcctgagg tggctgagat tacaggcgtg caactkgtgc cagcttgcta atttcacag 300
aagttgatgg caattcttca catgtaaaca gtgccagtgc acagaacctt tatatatattt 360
ttgaagccag tactgtgctc tgcatataac aaagctgctt caaggatgag acctttttct 420
aaaagcatgt aatgtgagaa gccggcctgc cttattttct tttttctttt ttaatgatta 480
aaaatagttt gtggcaaggc acggtggctc aggcctgtaa ttctagcact ttgggaggcc 540
gaggcaggag gattacttga gcctacaagt ttgatgggcc agcatgcaca gcatagcaag 600
actgcacttc tacagagagt aaaaaaaatt acccgagtgt ggtgatgtgc atctgtaatc 660
tcagctactt gggaggctga ggtgagagga tcacttgagc ttgggtgagg tgaggctgca 720
gtgagtcctg atc atg ctg ctg cac tca atc ttg gac aac aga gca aga 769

      Met Leu Leu His Ser Ile Leu Asp Asn Arg Ala Arg
            1             5             10

ccc tgt ctc aaa aaa aaa aat ata tat ata tat ata tat tat ttt 817
Pro Cys Leu Lys Lys Lys Lys Asn Ile Tyr Ile Tyr Ile Tyr Tyr Phe
            15             20             25

tat gag gtg aag tgc atc aaa ctt ggg aaa gat ttg agg agg ctg gga 865
Tyr Glu Val Lys Cys Ile Lys Leu Gly Lys Asp Leu Arg Arg Leu Gly
            30             35             40

acc tcc tgg aaa acc act cct tgaagaaaga tatgagagac atttagaagt 916
Thr Ser Trp Lys Thr Thr Pro
            45             50

gattcctgct ttcagaagga ggtggattca aatacatcaa aagtccttcc ctctgctaag 976
tgtttatagt tcaatgaata atttcaatat ttgtatgtgt tcttgctcatt ttattttttt 1036

```

ctgaaaaact tccaaaaatt tgaaaataaa attacagcct tttcttctt

1085

【 0 4 5 3 】

<210> 128

<211> 51

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 128

Met Leu Leu His Ser Ile Leu Asp Asn Arg Ala Arg Pro Cys Leu Lys

1

5

10

15

Lys Lys Lys Asn Ile Tyr Ile Tyr Ile Tyr Tyr Phe Tyr Glu Val Lys

20

25

30

Cys Ile Lys Leu Gly Lys Asp Leu Arg Arg Leu Gly Thr Ser Trp Lys

35

40

45

Thr Thr Pro

50

【 0 4 5 4 】

<210> 129

<211> 1544

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> unsure

<222> (1076)

<223> g or a

<400> 129

gctttgaact tactcaggaa agccagcccc cataatattg tattaccaaa cagtatcgct

60

ttgttaggaa ggatctggaa taatcttgaa gggaagtcag agttttctcc ctgcctatta

120

acaaaaaccc aatittgttc atattgaagc atgaaataaa tgagagcaag gtagggccaa	180
attaactcct gtggacagtc cctaaaagtc cagtcttaca ttgtgaaaa ttgtggtgcc	240
algaallaag alggatgact ggaaaaaggt gtggagaaa gagttaaaga tgaggaagag	300
atatttttag tatatgaagt tatccaggga ctgatattc ataattcagt gctgtgaaa	360
tgaaaaaat gatgaagag gtggaacgga aatgacctt gggggaaaa aaaggaccaa	420
agaagtctga ttaaaagttg aaatcagtat ttctgaattc aaattgcttg aatttccaaa	480
atagtcagta aaggatctaa tagaaccaga attatttggg tgaattctgc aggttttatg	540
ggcttgtcac aacgtgaagg gctggaatgt atattaccaa atgggaattt ccattgtagg	600
ttttgctag tcccaccccc attttagcct aatttggctt aaacgcagta tggggagaat	660
tgttccatt ccattgttc tgaattcagc tcatttccca gcatatagat atattcctct	720
ttaactccga ccagaaccct tcttctgtg gcactccca cccatagacc ttcatatcat	780
ctccacacc ctggtatca ctctctctt agtaacagag acactcctga ggttggactt	840
ccttgccttt ctctacttc aaatcacaat ttcttacaac caagctttgt gctcccgagt	900
aagcagggat gtactagggg aatgtaaac tgcaactta aaaacctgca tcttcttgaa	960

gcatcagttt tacttaccaa atggttttaga gtcataagat gacctatitit tatataaaaag 1020

ttatattata gaataaaatg ttcatacgca tagactgtta agataaaaaa ataggraatc 1080

tigcaaggta attcttattt gcaagtggtt tatgtgttca ctctccicta cctttatggt 1140

attttggtgt tcacttacga agcatacaac tagaaccata tccaagcaga ctctgggttg 1200

ctgttaaccc agggcctaga ctcttagtgc ctctgaggca gaaccaaagg agcctgcact 1260

gggggaaatc ccttttcctg cctgcctgtc tgcctgtgac ctgtgtacgt attacaggct 1320

ttaggaccag ctgattgtta tgcttgcagg atggttttga aacagaaaca atacttgttt 1380

actgtaggaa tcctatttat attatitttc agtcctgtga atgctgtgaa aagatttatt 1440

cctttgaggc caggaagctc ccaggcatat atgcttctag gttaggattg tcctgactca 1500

ctaaagatgc caggatattg gggctgaggg gagtttgagg tggt 1544

【 0 4 5 5 】

<210> 130

<211> 508

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<400> 130

tgaaatcagg gctggagctt tacttaggat tcacatggcc tcctaggaac catgggacaa 60

atgggaaaca ggttatcggg ggattcatga agtcagttag agtaattgct tcttttttgc 120

gggtgaactg aatgtatttc ttcaccaa	aat ctgtgatgta acaattaaaa	agaagaaatg	180
acatgcaagt aggtcttagc agaaaaatgc	aggctgggca tgagtcatgt	tgttaccctc	240
ccacatgctc ctacaatcca cagaga	tgcc tgctgcagg ttcttgaagt	tattgttagt	300
atttggtatc tcaaattttt cgtcactgtt	cacatgccac tttctctgtg	cacagtggta	360
tcctcatttg ctttttaacc tacactgagg	agtctttgtc aggttgca	ct gattttccaa	420
ttctgcagta atgagtaagc tcacggcatg	gggaagaaga cagtcagtcc	aatgaagttc	480
tctaaattat tttaacattg cctttgaa			508

【 0 4 5 6 】

<210> 131
 <211> 1204
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens
 <220>
 <221> unsure
 <222> (50)
 <223> g or t
 <220>
 <221> unsure
 <222> (54)
 <223> g or c
 <220>

<221> unsure

<222> (300)

<223> g or c

<220>

<221> unsure

<222> (407)

<223> g or a

<220>

<221> unsure

<222> (415)

<223> a,c,g or t

<220>

<221> unsure

<222> (417)

<223> g or c

<220>

<221> unsure

<222> (419)

<223> t or c

<220>

<221> unsure

<222> (430)

<223> a or t

<220>

<221> unsure

<222> (448)

<223> t or c

<220>

<221> unsure

<222> (449)

<223> g or t

<220>

<221> unsure

<222> (472)

<223> a, c, g or t

<400> 131

ggccccctggc aatttgcctc aagatggggg tttgaaaata actttacctk actsaaggag	60
tgctctggagc acctcctagt ctaagtctgc aagctccagt tcttgcctaa aacctatcca	120
gtggccaccc ttgggctcag acagctctgg gccttttgac cacaagccag cccctcgccc	180
tctctgtggc atagtcttct ctgccccagg actgcagggc ggcttcctcc aaggcttcca	240
aggctcaaaa gaaatttggc tccatccaag aaggctccag ctcccctact ggccccctggs	300
ttcaggccca caccctggg ccagggccag agagtgtgtc tcaggagaat tcaatgggct	360
ctagagagac acacagaaag tttgggcatt tgggaaattt tcaaggrrgt atgtntsgyt	420
cacgtatggw gcaggttgtc ctggtccykg ggtgcaggga agtgggctgc anggaagtgg	480
attggagggg agcttgagga atataaggag cgggggtgga gactcaggct atggacaagg	540
acagccccaa ggttgggaag acctggcctt agtcgtcctc agcctagggg cagggcagtg	600
aagaaagctc tccccgctcc tgctgtaatg acccagagta gcctccccag gccggcatct	660

tatgtgtgtc ttccaccatc ctcatggtgg cacttttcta ggctgtctc ccagcattgt	720
gcaaggctcg gaagagaacc agggaagtga aactgggtga aaacagaaag ctcaatggat	780
gggctagggtt ccccgatca ttagggcaga gtttgcacgt cctctgggtca ctggaatcca	840
cccagcccac gaatcatctc cctcttgaag gattttattt ctactgggtt ttggaacaaa	900
ctcctgtctga gaccccacag ccagaaactg aaagcagcag ctccccaag cctggaaaat	960
ccctaagaga aggcctgggg caggaagtgg agtgacaggg gacaggtaga gagaaggggg	1020
cccaatggcc agggagtga ggaggtggcg ttgctgagag cagtctgcac atgcttctgt	1080
ctgagtgcag gaagggttc cagggtcgaa attacacttc tcgtacctgg agacgctgtt	1140
tgtgggagca ctgggctcat gcctggcaca caataggtct gcaataaacc atggttaa	1200
cctg	1204

【 0 4 5 7 】

<210> 132
 <211> 508
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens
 <220>
 <221> unsure
 <222> (223)

<223> a, c, g or t

<220>

<221> unsure

<222> (237)

<223> a, c, g or t

<220>

<221> unsure

<222> (380)

<223> a, c, g or t

<220>

<221> unsure

<222> (468)

<223> a, c, g or t

<400> 132

cccgggagaa tcacttcagc ctgggagatc aaggctgcag tgagctctga acgcaccact 60

acactccagc ctgggtgaca gaggagatc ctgtctcaaa aaaagagaaa gaaaaccttt 120

gagattcttc catTTTTaga gctgagagag cacttgigaa acacacacac atgcacaaac 180

atataaacat gcatacaggc atgcacatgc acacacaaat acncatacac acacacnagc 240

acacacacac caccaccacc atcatcagag gaacttacag aaaaggggac atttatagat 300

tcctaggaat atgccaaagc ttttcaaagc ctctatggac agctcattcc ttaacttttc 360

ctctttaaaa tctttttttaa cttcttattt gccccagcca ctatcactgc ctgaggcagc 420

tgcaacgtta aacaattgcc actgattact ttcaacaaat aacctcanag aaaaggctgt 480

gtgtattgaa tgggtatcaa gtcacgtc

508

【 0 4 5 8 】

<210> 133

<211> 484

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> unsure

<222> (313)

<223> a,c,g or t

<220>

<221> unsure

<222> (336)

<223> g or c

<220>

<221> unsure

<222> (401)

<223> g or c

<400> 133

gtcgactcga gcggccgcgg accgtttttt ttttttttct ctccctctgcc ctttctaata 60

tcttggagag ggatggagac tgaagagtga gtttggctct ccacttgatc caggttctta 120

tttttgtttt ctacttcaaa gcgagaactt ggtactgtga ctttgataag aattgacttc 180

aggcccagca agatccctca tgcctgtaat cccagcactt tggggggcca aggcaggagg 240

attgcgtgag cccaggagtt cgagaccac ctgggcaaca tagggacctt gtctctacaa 300
 aaaataaaat tancitgggtt tgatggtgca catcastggt cctggctact cgggaggcca 360
 aggtgggagc atgtcttctt gctgggaggt caaggtctga ctgagccat attgttccc 420
 tgcattccag cctgggcaac agagtggagac actgtcttaa aaaaaaaaaa aaaaaacggt 480
 ccgc 484

【 0 4 5 9 】

<210> 134
 <211> 605
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens
 <400> 134

gctgcatgtc taaaattaca tggagttagt gtctattctt tttccccttt tgcagcaact 60
 tacacagcat ttttaacacc tttttttct agtttttttg ttcggttttg ttttccatca 120
 ggaatttgag ttctctctaa cccagcttac tgtgggacat aggaaaactc agtagaaata 180
 cctttgggtga tcttggtgag ttttaagtctg atcttgatct taaactcagt aagccactat 240
 ctgcaatttt gtacattata tagtatittg aagatatgga accttatgaa aaaaaaatag 300
 caaattagtt ctttttcccc cagaggggaa agttatgttc tgcaaatagt gtgtgtctta 360
 ttttactgtt gaacagcaat tgctatttat tttttattg cctagaactt caacatgttg 420

tataggaatc ctgtagtgcc actagttaaa tgccgaattc tcactctggat gttaccatca 480
aacaatcagta cacttgatcat ttcacatgtg tttaatgtga cagtttttca gtactgtatg 540
tgtaaatcc tacttttttt aatatataaa atgctttta aataaacata ttctcagttg 600
atccc 605

【 0 4 6 0 】

<210> 135
<211> 1786
<212> DNA
<213> Homo sapiens
<220>
<221> CDS
<222> (2)..(151)
<220>
<221> unsure
<222> (689)
<223> g or a
<400> 135

g gca cga ggg tcc tct gca tgg ggt cag gtg ctt ctg tgc ttg ctg tcc 49
Ala Arg Gly Ser Ser Ala Trp Gly Gln Val Leu Leu Cys Leu Leu Ser
1 5 10 15
tac ctc tct cca cag cag ggc tct caa aac cat ttt gat ccc cca ttg 97
Tyr Leu Ser Pro Gln Gln Gly Ser Gln Asn His Phe Asp Pro Pro Leu
20 25 30
gca gag ggt tcc cct ctt tac aga gtt cag tca tta aaa gca tgg atc 145

特平 1 1 - 2 8 0 9 7 6

Ala Glu Gly Ser Pro Leu Tyr Arg Val Gln Ser Leu Lys Ala Trp Ile
35 40 45 201

agc tgt taatctcatt ggaggaggga actgtttcct gcattcattc atctgggaac
Ser Cys

cttcttgagt agccactgtc tgccagccac tgcctciagag atgggaaaac agcacggaac 261
aaaaccaagg tctttcttcc agcgaattta tctccttcag gaagctgggt cctgccacca 321
acttagcagg caacagtctt cctccccctag tgggcacagg gtaccagttt ttaggaaaa 381
gtgtccagc aaaggaagaa agcagaccaa cccagctgcc ttaccttatt ctggggccat 441
tccccagcg atgagagctg ctcttgtttc tactgccacc atctcttctg gctgcacttc 501
acctgctgct tgagcttctg accttccttc agttccacca aatgaggaca ggaaatagca 561
gtcaagacc cttgggccctg ctgagcgtga aacaggaagg caatgggatg agttgctggg 621
acggaagaat gggcctgggg cagaacaaat agggagcatt tgaaagcttc tggctgataa 681
atctccarg tgcattccgg ttgccacgcc tggccccatt aacctgctcc tggtaaatac 741
tgatccagca gctgctccag gagaggccgt ctttttttc ccagccacgc tgtgtctttg 801
catgagactc cttggggcct gggcacagag agaaaagaat tgagactcag gaggctcagt 861
gggtgagaaa atgcaaagtg gcttcacaga cacagggtg tgggagcaga tcgacgggga 921
acttgggaga tgaacttcag ggccttcga cgccttgctt caggaaatg ctttgagaaa 981
aatgtagca tcttttccat aactcagctt ctttcccta gtttccctga agtggtgatt 1041
ttctaactag tgctaggga agtcctgaga cagatcaca gccactgctt ggcatacagg 1161
gcctccacc aataagcaaa ctggagattc ctacgcctt cgtggacacc cacatcicat 1221
tcttctcaca gcagagaagc tctccctica gcctgagctg tcttcttct gctgcagtgc 1281
agcctgctcc ctctaccct ggcctcatct tggcatggaa ggtggcaggc agaattgaaa 1341
tacctcccc caaacaanaac agatatctt gcgtgtgtaa gggcagaagg gacaagctct 1461
ctatcccatg agactagggg ccggagccca cctgccttc cccacaactt ttcctgctca 1521
aaccactcc tcttgacaca ctggaatctg tattatatat attttaaga aaataaatg 1581
atggtgtct ggtttgttg tttttacagg tgttgtggaa taaaaactgt aagaaaatta 1641

agtatTTaaa atgttccaat aaagtggggt tttttgttat tctaataatat tattgtgtac 1701
 ctattgtaaa tatgaaacac tcctattttg caagctgagg acacaatttg tactgttggt 1761
 atatataaat aaagtttact gaatt 1786

【 0 4 6 1 】

<210> 136

<211> 50

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 136

Ala	Arg	Gly	Ser	Ser	Ala	Trp	Gly	Gln	Val	Leu	Leu	Cys	Leu	Leu	Ser
1				5				10					15		
Tyr	Leu	Ser	Pro	Gln	Gln	Gly	Ser	Gln	Asn	His	Phe	Asp	Pro	Pro	Leu
			20					25					30		
Ala	Glu	Gly	Ser	Pro	Leu	Tyr	Arg	Val	Gln	Ser	Leu	Lys	Ala	Trp	Ile
			35					40					45		
Ser	Cys														
	50														

【 0 4 6 2 】

<210> 137

<211> 835

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (535)..(729)

<400> 137

gaaaaatctc attatttcaa aatgatagac atataccaaa aacaagtcta taatgtgagt 60
 agttactaaa atttacacat cttaaaagtg tgtaaatgct taaatttcag aattaccatc 120
 agaacctcaa ttgacattcc ttggaatagg ctaataagtg acaaataaga ttaataagat 180

ttttcaaaat cgccaggact ggtgaatata aatgatgatt gaactggaat aatattgggg 240
 accaaatcaa atgaatgatt aaattatgaa gctcatatcc ttttgaaggt agttgcaaag 300
 agacatttca aaactgccct aggccattgc agcatcctta gatgggacgc ataatcatta 360
 ccttaaagca tcaccactca ttttgacat atagatttta ttatgttagt ttaaaaggctc 420
 aatcagcctc atgactttat agttatgtct tgtattttaa aacatttttt atacatttgr 480
 ttaigttagt aaaccaaaaa catttgatta ataaaaatc tatttgaata aatt atg 537

Met

1

agc tat cct ttc aaa cag cta ttg gca agt ttt aaa ccc aaa ata tat 585
 Ser Tyr Pro Phe Lys Gln Leu Leu Ala Ser Phe Lys Pro Lys Ile Tyr

5

10

15

aca cat agt tct gta ata aaa ctg ttt gac ttc tca agt aac atg act 633
 Thr His Ser Ser Val Ile Lys Leu Phe Asp Phe Ser Ser Asn Met Thr

20

25

30

tcc tta ttt ctg aac agt act ggt tac ttt caa aat gaa ttt tta ttg 681
 Ser Leu Phe Leu Asn Ser Thr Gly Tyr Phe Gln Asn Glu Phe Leu Leu

35

40

45

aga ttt tcc att aac tat ttt ttt caa aga ctc aaa ttt tgt acc aag 729
 Arg Phe Ser Ile Asn Tyr Phe Phe Gln Arg Leu Lys Phe Cys Thr Lys

50

55

60

65

taaatccagg ctttatgtac aaacatgttg tttgttttat ttggggctgg gggagggtata 789
 tgatgagcag acttctcgga attcataata aattttctaa aagcct 835

【 0 4 6 3 】

<210> 138

<211> 65

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 138

Met Ser Tyr Pro Phe Lys Gln Leu Leu Ala Ser Phe Lys Pro Lys Ile

1 5 10 15
Tyr Thr His Ser Ser Val Ile Lys Leu Phe Asp Phe Ser Ser Asn Met
20 25 30
Thr Ser Leu Phe Leu Asn Ser Thr Gly Tyr Phe Gln Asn Glu Phe Leu
35 40 45
Leu Arg Phe Ser Ile Asn Tyr Phe Phe Gln Arg Leu Lys Phe Cys Thr
50 55 60

Lys

65

【 0 4 6 4 】

<210> 139

<211> 626

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (1)..(201)

<220>

<221> unsure

<222> (348)

<223> t or c

<220>

<221> unsure

<222> (353)

<223> a or t

<220>

<221> unsure

<222> (358)

<223> a or t

<220>

<221> unsure

<222> (363)

<223> a or t

<220>

<221> unsure

<222> (368)

<223> g or a

<400> 139

tgt ttc agt gtg act gtc ttg tta gag gtg aag ttt atc cag ggt aac 48

Cys Phe Ser Val Thr Val Leu Leu Glu Val Lys Phe Ile Gln Gly Asn

1 5 10 15

ttg ctc act aac tat tcc ttt tta tgg cct ggg gtt aaa ggg agc atg 96

Leu Leu Thr Asn Tyr Ser Phe Leu Trp Pro Gly Val Lys Gly Ser Met

20 25 30

gct cac act ggt gaa aat aag gaa ggc ctg gtc tta tct tgt att aat 144

Ala His Thr Gly Glu Asn Lys Glu Gly Leu Val Leu Ser Cys Ile Asn

35 40 45

aat act ggc tgc att cca cca gcc aga gat ttc tat ctg cga aga cct 192

Asn Thr Gly Cys Ile Pro Pro Ala Arg Asp Phe Tyr Leu Arg Arg Pro

50 55 60

atg aaa cac tgaagagaaa tgtaggcaga aggaaatggc cacatatcac 241

Met Lys His

65

aagttctatt atatattctt ttgtaaatac atattgtata ttacttggat gttttcttat 301

atcatttact gtctttttga gttaatgtca gtttttactc tctcaaytta cwatgtwaca 361

twgtaartaa cataatgtcc tttattatit atatttaagc atctaacata tagagttgtt 421

ttcatataag ttttaagataa atgtcaaaaa tatatgttct tttgtttttc tttgcttttaa 481

aattatgtat cttttccttt tctttttttt aagaataatt tattgttcag gagaaagaat 541
gtatatgtaa ctgaaactat ctgaagaatg cacattgaag gccgtgaggt actgataaac 601
taaagaattt attattcaaa atact 626

【 0 4 6 5 】

<210> 140

<211> 67

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 140

Cys Phe Ser Val Thr Val Leu Leu Glu Val Lys Phe Ile Gln Gly Asn
1 5 10 15
Leu Leu Thr Asn Tyr Ser Phe Leu Trp Pro Gly Val Lys Gly Ser Met
20 25 30
Ala His Thr Gly Glu Asn Lys Glu Gly Leu Val Leu Ser Cys Ile Asn
35 40 45
Asn Thr Gly Cys Ile Pro Pro Ala Arg Asp Phe Tyr Leu Arg Arg Pro
50 55 60
Met Lys His
65

【 0 4 6 6 】

<210> 141

<211> 525

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (103)..(525)

<400> 141

aagaaatgga ggactcagaa ccaaggattt ccaagtgatt tcttccaaag cacaggaatc 60

tcactctgtt aaagctggtc tgttctaact gagatgacag tc atg tcc ctt tcc	114
Met Ser Leu Ser	
1	
agg gac ctc aag gac gac ttt cac agt gac acg gta ctc tcc atc tta	162
Arg Asp Leu Lys Asp Asp Phe His Ser Asp Thr Val Leu Ser Ile Leu	
5 10 15 20	
aat gag cag cgc att cgg ggc att tta tgc gat gtc act atc att gtg	210
Asn Glu Gln Arg Ile Arg Gly Ile Leu Cys Asp Val Thr Ile Ile Val	
25 30 35	
gaa gat acc aaa ttt aaa gcc cat agc aat gtt ctg gca gct tca agc	258
Glu Asp Thr Lys Phe Lys Ala His Ser Asn Val Leu Ala Ala Ser Ser	
40 45 50	
ctg tat ttt aaa aat atc ttt tgg agc cat aca atc tgt att tcc agc	306
Leu Tyr Phe Lys Asn Ile Phe Trp Ser His Thr Ile Cys Ile Ser Ser	
55 60 65	
cac gtc ctg gag ctg gac gat ctc aaa gct gaa gtg ttt act gaa ata	354
His Val Leu Glu Leu Asp Asp Leu Lys Ala Glu Val Phe Thr Glu Ile	
70 75 80	
ctt aat tat atc tac agt tcc aca gtc gtt gtc aag aga cag gaa aca	402
Leu Asn Tyr Ile Tyr Ser Ser Thr Val Val Val Lys Arg Gln Glu Thr	
85 90 95 100	
gtc act gat ctc gca gct gca gga aaa aag ctg gga ata tcg ttc ttg	450
Val Thr Asp Leu Ala Ala Ala Gly Lys Lys Leu Gly Ile Ser Phe Leu	
105 110 115	
gaa gac ctt act gat cgc aac ttc tca aat tcc ccg ggt ccc tat gta	498
Glu Asp Leu Thr Asp Arg Asn Phe Ser Asn Ser Pro Gly Pro Tyr Val	
120 125 130	
ttc tgt att act gaa aag gga gtg gtt	525
Phe Cys Ile Thr Glu Lys Gly Val Val	

135

140

【0 4 6 7】

<210> 142

<211> 141

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 142

Met Ser Leu Ser Arg Asp Leu Lys Asp Asp Phe His Ser Asp Thr Val

1

5

10

15

Leu Ser Ile Leu Asn Glu Gln Arg Ile Arg Gly Ile Leu Cys Asp Val

20

25

30

Thr Ile Ile Val Glu Asp Thr Lys Phe Lys Ala His Ser Asn Val Leu

35

40

45

Ala Ala Ser Ser Leu Tyr Phe Lys Asn Ile Phe Trp Ser His Thr Ile

50

55

60

Cys Ile Ser Ser His Val Leu Glu Leu Asp Asp Leu Lys Ala Glu Val

65

70

75

80

Phe Thr Glu Ile Leu Asn Tyr Ile Tyr Ser Ser Thr Val Val Val Lys

85

90

95

Arg Gln Glu Thr Val Thr Asp Leu Ala Ala Ala Gly Lys Lys Leu Gly

100

105

110

Ile Ser Phe Leu Glu Asp Leu Thr Asp Arg Asn Phe Ser Asn Ser Pro

115

120

125

Gly Pro Tyr Val Phe Cys Ile Thr Glu Lys Gly Val Val

130

135

140

【0 4 6 8】

<210> 143

<211> 1827

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (138)..(1307)

<400> 142

```

gagacttggg ctggagccgc cctgggtgtc agcggctcgg ctcccgcgca cgctccggcc 60
gtcgcgcagc ctcggcacct gcaggtccgt gcgtcccgcg gctggcgccc ctgactccgt 120
cccggccagg gagggcc atg att tcc ctc ccg ggg ccc ctg gtg acc aac 170
Met Ile Ser Leu Pro Gly Pro Leu Val Thr Asn
      1             5             10
ttg ctg cgg ttt ttg ttc ctg ggg ctg agt gcc ctc gcg ccc ccc tcg 218
Leu Leu Arg Phe Leu Phe Leu Gly Leu Ser Ala Leu Ala Pro Pro Ser
      15             20             25
cgg gcc cag ctg caa ctg cac ttg ccc gcc aac cgg ttg cag gcg gtg 266
Arg Ala Gln Leu Gln Leu His Leu Pro Ala Asn Arg Leu Gln Ala Val
      30             35             40
gag gga ggg gaa gtg gtg ctt cca gcg tgg tac acc ttg cac ggg gag 314
Glu Gly Gly Glu Val Val Leu Pro Ala Trp Tyr Thr Leu His Gly Glu
      45             50             55
gtg tct tca tcc cag cca tgg gag gtg ccc ttt gtg atg tgg ttc ttc 362
Val Ser Ser Ser Gln Pro Trp Glu Val Pro Phe Val Met Trp Phe Phe
      60             65             70             75
aaa cag aaa gaa aag gag gat cag gtg ttg tcc tac atc aat ggg gtc 410
Lys Gln Lys Glu Lys Glu Asp Gln Val Leu Ser Tyr Ile Asn Gly Val
      80             85             90
aca aca agc aaa cct gga gta tcc ttg gtc tac tcc atg ccc tcc cgg 458
Thr Thr Ser Lys Pro Gly Val Ser Leu Val Tyr Ser Met Pro Ser Arg
      95             100            105
aac ctg tcc ctg cgg ctg gag ggt ctc cag gag aaa gac tct ggc ccc 506

```

Asn	Leu	Ser	Leu	Arg	Leu	Glu	Gly	Leu	Gln	Glu	Lys	Asp	Ser	Gly	Pro		
	110						115					120					
tac	agc	tgc	tcc	gtg	aat	gtg	caa	gac	aaa	caa	ggc	aaa	tct	agg	ggc	554	
Tyr	Ser	Cys	Ser	Val	Asn	Val	Gln	Asp	Lys	Gln	Gly	Lys	Ser	Arg	Gly		
	125						130					135					
cac	agc	atc	aaa	acc	tta	gaa	ctc	aat	gta	ctg	gtt	cct	cca	gct	cct	602	
His	Ser	Ile	Lys	Thr	Leu	Glu	Leu	Asn	Val	Leu	Val	Pro	Pro	Ala	Pro		
140						145					150				155		
cca	tcc	tgc	cgt	ctc	cag	ggg	gtg	ccc	cat	gtg	ggg	gca	aac	gtg	acc	650	
Pro	Ser	Cys	Arg	Leu	Gln	Gly	Val	Pro	His	Val	Gly	Ala	Asn	Val	Thr		
				160					165					170			
ctg	agc	tgc	cag	tct	cca	agg	agt	aag	cct	gct	gtc	caa	tac	cag	tgg	698	
Leu	Ser	Cys	Gln	Ser	Pro	Arg	Ser	Lys	Pro	Ala	Val	Gln	Tyr	Gln	Trp		
		175						180					185				
gat	cgg	cag	ctt	cca	tcc	ttc	cag	act	ttc	ttt	gca	cca	gca	tta	gat	746	
Asp	Arg	Gln	Leu	Pro	Ser	Phe	Gln	Thr	Phe	Phe	Ala	Pro	Ala	Leu	Asp		
	190							195				200					
gtc	atc	cgt	ggg	tct	tta	agc	ctc	acc	aac	ctt	tcg	tct	tcc	atg	gct	794	
Val	Ile	Arg	Gly	Ser	Leu	Ser	Leu	Thr	Asn	Leu	Ser	Ser	Ser	Met	Ala		
	205						210					215					
gga	gtc	tat	gtc	tgc	aag	gcc	cac	aat	gag	gtg	ggc	act	gcc	caa	tgt	842	
Gly	Val	Tyr	Val	Cys	Lys	Ala	His	Asn	Glu	Val	Gly	Thr	Ala	Gln	Cys		
220					225				230					235			
aat	gtg	acg	ctg	gaa	gtg	agc	aca	ggg	cct	gga	gct	gca	gtg	gtt	gct	890	
Asn	Val	Thr	Leu	Glu	Val	Ser	Thr	Gly	Pro	Gly	Ala	Ala	Val	Val	Ala		
			240					245					250				
gga	gct	gtt	gtg	ggg	acc	ctg	gtt	gga	ctg	ggg	ttg	ctg	gct	ggg	ctg	938	
Gly	Ala	Val	Val	Gly	Thr	Leu	Val	Gly	Leu	Gly	Leu	Leu	Ala	Gly	Leu		
	255							260					265				

gtc ctc ttg tac cac cgc cgg ggc aag gcc ctg gag gag cca gcc aat 986
Val Leu Leu Tyr His Arg Arg Gly Lys Ala Leu Glu Glu Pro Ala Asn
270 275 280
gat atc aag gag gat gcc att gct ccc cgg acc ctg ccc tgg ccc aag 1034
Asp Ile Lys Glu Asn Ala Ile Ala Pro Arg Thr Leu Pro Trp Pro Lys
285 290 295
agc tca gac aca atc tcc aag aat ggg acc ctt tcc tct gtc acc tcc 1082
Ser Ser Asp Thr Ile Ser Lys Asn Gly Thr Leu Ser Ser Val Thr Ser
300 305 310 315
gca cga gcc ctc tgg cca ccc cat ggc cct ccc agg cct ggt gca ttg 1130
Ala Arg Ala Leu Trp Pro Pro His Gly Pro Pro Arg Pro Gly Ala Leu
320 325 330
acc ccc acg ccc agt ctc tcc agc cag gcc ctg ccc tca cca aga ctg 1178
Thr Pro Thr Pro Ser Leu Ser Ser Gln Ala Leu Pro Ser Pro Arg Leu
335 340 345
ccc acg aca gat ggg gcc cac cct caa cca ata tcc ccc atc cct ggt 1226
Pro Thr Thr Asp Gly Ala His Pro Gln Pro Ile Ser Pro Ile Pro Gly
350 355 360
ggg gtt tct tcc tct ggc ttg agc cgc atg ggt gct gtg cct gtg atg 1274
Gly Val Ser Ser Ser Gly Leu Ser Arg Met Gly Ala Val Pro Val Met
365 370 375
gtg cct gcc cag agt caa gct ggc tct ctg gta tgatgacccc accactcatt 1327
Val Pro Ala Gln Ser Gln Ala Gly Ser Leu Val
380 385 390
ggctaaagga tttgggtct ctcttcccta taagggtcac ctctagcaca gaggcctgag 1387
tcatgggaaa gagtcacact cctgaccctt agtactctgc cccacctct ctttactgtg 1447
ggaaaaccat ctacagtaaga cctaagtgtc caggagacag aaggagaaga ggaagtggat 1507
ctggaattgg gaggagcctc caccaccccc tgactcctcc ttatgaagcc agctgctgaa 1567
attagctact caccaagagt gaggggcaga gacttccagt cactgagtct cccaggcccc 1627

cttgatctgt accccacccc tatctaacac cacccttggc tcccactcca gctccctgta 1687
 ttgatataac ctgtcaggct ggcttggtta ggttttactg gggcagagga tagggaatct 1747
 cttattaaaa ctaacatgaa atatgtgttg ttttcatttg caaattttaa taaagataca 1807
 taatgtttgt atgagataag 1827

【 0 4 6 9 】

0> 144

<211> 390

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 144

Met Ile Ser Leu Pro Gly Pro Leu Val Thr Asn Leu Leu Arg Phe Leu
 1 5 10 15
 Phe Leu Gly Leu Ser Ala Leu Ala Pro Pro Ser Arg Ala Gln Leu Gln
 20 25 30
 Leu His Leu Pro Ala Asn Arg Leu Gln Ala Val Glu Gly Gly Glu Val
 35 40 45
 Val Leu Pro Ala Trp Tyr Thr Leu His Gly Glu Val Ser Ser Ser Gln
 50 55 60
 Pro Trp Glu Val Pro Phe Val Met Trp Phe Phe Lys Gln Lys Glu Lys
 65 70 75 80
 Glu Asp Gln Val Leu Ser Tyr Ile Asn Gly Val Thr Thr Ser Lys Pro
 85 90 95
 Gly Val Ser Leu Val Tyr Ser Met Pro Ser Arg Asn Leu Ser Leu Arg
 100 105 110
 Leu Glu Gly Leu Gln Glu Lys Asp Ser Gly Pro Tyr Ser Cys Ser Val
 115 120 125
 Asn Val Gln Asp Lys Gln Gly Lys Ser Arg Gly His Ser Ile Lys Thr
 130 135 140
 Leu Glu Leu Asn Val Leu Val Pro Pro Ala Pro Pro Ser Cys Arg Leu

145 150 155 160
 Gln Gly Val Pro His Val Gly Ala Asn Val Thr Leu Ser Cys Gln Ser
 165 170 175
 Pro Arg Ser Lys Pro Ala Val Gln Tyr Gln Trp Asp Arg Gln Leu Pro
 180 185 190
 Ser Phe Gln Thr Phe Phe Ala Pro Ala Leu Asp Val Ile Arg Gly Ser
 195 200 205
 Leu Ser Leu Thr Asn Leu Ser Ser Ser Met Ala Gly Val Tyr Val Cys
 210 215 220
 Lys Ala His Asn Glu Val Gly Thr Ala Gln Cys Asn Val Thr Leu Glu
 225 230 235 240
 Val Ser Thr Gly Pro Gly Ala Ala Val Val Ala Gly Ala Val Val Gly
 245 250 255
 Thr Leu Val Gly Leu Gly Leu Leu Ala Gly Leu Val Leu Leu Tyr His
 260 265 270
 Arg Arg Gly Lys Ala Leu Glu Glu Pro Ala Asn Asp Ile Lys Glu Asp
 275 280 285
 Ala Ile Ala Pro Arg Thr Leu Pro Trp Pro Lys Ser Ser Asp Thr Ile
 290 295 300
 Ser Lys Asn Gly Thr Leu Ser Ser Val Thr Ser Ala Arg Ala Leu Trp
 305 310 315 320
 Pro Pro His Gly Pro Pro Arg Pro Gly Ala Leu Thr Pro Thr Pro Ser
 325 330 335
 Leu Ser Ser Gln Ala Leu Pro Ser Pro Arg Leu Pro Thr Thr Asp Gly
 340 345 350
 Ala His Pro Gln Pro Ile Ser Pro Ile Pro Gly Gly Val Ser Ser Ser
 355 360 365
 Gly Leu Ser Arg Met Gly Ala Val Pro Val Met Val Pro Ala Gln Ser
 370 375 380

Gln Ala Gly Ser Leu Val

385

390

【 0 4 7 0 】

<210> 145

<211> 3466

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (84)..(2726)

<400> 145

tgcgggaagc gatgtagtag ctgccaggct gtcccccgcc ctgcccggcc cgagccccgc 60
gggccgccgc cgccaccgcc gcc atg aag aag cag ttc aac cgc atg aag cag 113

Met Lys Lys Gln Phe Asn Arg Met Lys Gln

1

5

10

ctg gct aac cag acc gtg ggc aga gct gag aaa aca gaa gtc ctt agt 161
Leu Ala Asn Gln Thr Val Gly Arg Ala Glu Lys Thr Glu Val Leu Ser

15

20

25

gaa gat cta tta cag att gag aga cgc ctg gac acg gtg cgg tca ata 209
Glu Asp Leu Leu Gln Ile Glu Arg Arg Leu Asp Thr Val Arg Ser Ile

30

35

40

tgc cac cat tcc cat aag cgc ttg gtg gca tgt ttc cag ggc cag cat 257
Cys His His Ser His Lys Arg Leu Val Ala Cys Phe Gln Gly Gln His

45

50

55

ggc acc gat gcc gag agg aga cac aaa aaa ctg cct ctg aca gct ctt 305
Gly Thr Asp Ala Glu Arg Arg His Lys Lys Leu Pro Leu Thr Ala Leu

60

65

70

gct caa aat atg caa gaa gca tcg act cag ctg gaa gac tct ctc ctg 353
Ala Gln Asn Met Gln Glu Ala Ser Thr Gln Leu Glu Asp Ser Leu Leu

75	80	85	90	
ggg aag atg ctg gag acg tgt gga gat gct gag aat cag ctg gct ctc	401			
Gly Lys Met Leu Glu Thr Cys Gly Asp Ala Glu Asn Gln Leu Ala Leu				
95	100	105		
gag ctg tcc cag cac gaa gtc ttt gtt gag aag gag atc gtp gac cct	449			
Glu Leu Ser Gln His Glu Val Phe Val Glu Lys Glu Ile Val Asp Pro				
110	115	120		
ctg tac ggc ata gct gag gtg gag att ccc aac atc cag aag cag agg	497			
Leu Tyr Gly Ile Ala Glu Val Glu Ile Pro Asn Ile Gln Lys Gln Arg				
125	130	135		
aag cag ctt gca aga ttg gtg tta gac tgg gat tca gtc aga gcc agg	545			
Lys Gln Leu Ala Arg Leu Val Leu Asp Trp Asp Ser Val Arg Ala Arg				
140	145	150		
tgg aac caa gct cac aaa tcc tca gga acc aac ttt cag ggg ctt cca	593			
Trp Asn Gln Ala His Lys Ser Ser Gly Thr Asn Phe Gln Gly Leu Pro				
155	160	165	170	
tca aaa ata gat act cta aag gaa gag atg gat gaa gct gga aat aaa	641			
Ser Lys Ile Asp Thr Leu Lys Glu Glu Met Asp Glu Ala Gly Asn Lys				
175	180	185		
gta gaa cag tgc aag gat caa ctt gca gca gac atg tac aac ttt atg	689			
Val Glu Gln Cys Lys Asp Gln Leu Ala Ala Asp Met Tyr Asn Phe Met				
190	195	200		
gcc aaa gaa ggg gag tat ggc aaa ttc ttt gtt acg tta tta gaa gcc	737			
Ala Lys Glu Gly Glu Tyr Gly Lys Phe Phe Val Thr Leu Leu Glu Ala				
205	210	215		
caa gca gat tac cat aga aaa gca tta gca gtc tta gaa aag acc ctc	785			
Gln Ala Asp Tyr His Arg Lys Ala Leu Ala Val Leu Glu Lys Thr Leu				
220	225	230		
ccc gaa atg cga gcc cat caa gat aag tgg gcg gaa aaa cca gcc ttt	833			

Pro Glu Met Arg Ala His Gln Asp Lys Trp Ala Glu Lys Pro Ala Phe
 235 240 245 250
 ggg act ccc cta gaa gaa cac ctg aag agg agc ggg cgc gag att gcg 881
 Gly Thr Pro Leu Glu Glu His Leu Lys Arg Ser Gly Arg Glu Ile Ala
 255 260 265
 ctg ccc att gaa gcc tgt gtc atg ctg ctt ctg gag aca ggc atg aag 929
 Leu Pro Ile Glu Ala Cys Val Met Leu Leu Leu Glu Thr Gly Met Lys
 270 275 280
 gag gag ggc ctt ttc cga att ggg gct ggg gcc tcc aag tta aag aag 977
 Glu Glu Gly Leu Phe Arg Ile Gly Ala Gly Ala Ser Lys Leu Lys Lys
 285 290 295
 ctg aaa gct gct ttg gac tgt tct act tct cac ctg gat gag ttc tat 1025
 Leu Lys Ala Ala Leu Asp Cys Ser Thr Ser His Leu Asp Glu Phe Tyr
 300 305 310
 tca gac ccc cat gct gta gca ggt gct tta aaa tcc tat tta cgg gaa 1073
 Ser Asp Pro His Ala Val Ala Gly Ala Leu Lys Ser Tyr Leu Arg Glu
 315 320 325 330
 ttg cct gaa cct ttg atg act ttt aat ctg tat gaa gaa tgg aca caa 1121
 Leu Pro Glu Pro Leu Met Thr Phe Asn Leu Tyr Glu Glu Trp Thr Gln
 335 340 345
 gtt gca agt gtg cag gat caa gac aaa aaa ctt caa gac ttg tgg aga 1169
 Val Ala Ser Val Gln Asp Gln Asp Lys Lys Leu Gln Asp Leu Trp Arg
 350 355 360
 aca tgt cag aag ttg cca cca caa aat ttt gtt aac ttt aga tat ttg 1217
 Thr Cys Gln Lys Leu Pro Pro Gln Asn Phe Val Asn Phe Arg Tyr Leu
 365 370 375
 atc aag ttc ctt gca aag ctt gct cag acc agc gat gtg aat aaa atg 1265
 Ile Lys Phe Leu Ala Lys Leu Ala Gln Thr Ser Asp Val Asn Lys Met
 380 385 390

act ccc agc aac att gcg att gtg tta ggc cct aac ttg tta tgg gcc	1313
Thr Pro Ser Asn Ile Ala Ile Val Leu Gly Pro Asn Leu Leu Trp Ala	
395 400 405 410	
aga aat gaa gga aca ctt gct gaa atg gca gca gcc aca tcc gtc cat	1361
Arg Asn Glu Gly Thr Leu Ala Glu Met Ala Ala Ala Thr Ser Val His	
415 420 425	
gtg gtt gca gtg att gaa ccc atc att cag cat gcc gac tgg ttc ttc	1409
Val Val Ala Val Ile Glu Pro Ile Ile Gln His Ala Asp Trp Phe Phe	
430 435 440	
cct gaa gag gtg gaa ttt aat gta tca gaa gca ttt gta cct ctc acc	1457
Pro Glu Glu Val Glu Phe Asn Val Ser Glu Ala Phe Val Pro Leu Thr	
445 450 455	
acc ccg agt tct aat cac tca ttc cac act gga aac gac tct gac tcg	1505
Thr Pro Ser Ser Asn His Ser Phe His Thr Gly Asn Asp Ser Asp Ser	
460 465 470	
ggg acc ctg gag agg aag cgg cct gct agc atg gcg gtg atg gaa gga	1553
Gly Thr Leu Glu Arg Lys Arg Pro Ala Ser Met Ala Val Met Glu Gly	
475 480 485 490	
gac ttg gtg aag aag gaa agc ttt ggt gtg aag ctt atg gac ttc cag	1601
Asp Leu Val Lys Lys Glu Ser Phe Gly Val Lys Leu Met Asp Phe Gln	
495 500 505	
gcc cac cgg cgg ggt ggc act cta aat aga aag cac ata tcc ccc gct	1649
Ala His Arg Arg Gly Gly Thr Leu Asn Arg Lys His Ile Ser Pro Ala	
510 515 520	
ttc cag ccg cca ctt ccg ccc aca gat ggc agc acc gtg gtg ccc gct	1697
Phe Gln Pro Pro Leu Pro Pro Thr Asp Gly Ser Thr Val Val Pro Ala	
525 530 535	
ggc cca gag ccc cct ccc cag agc tct agg gct gaa agc agc tct ggg	1745
Gly Pro Glu Pro Pro Pro Gln Ser Ser Arg Ala Glu Ser Ser Ser Gly	

540	545	550	
ggt ggg act gtc ccc tct tcc gcg ggc ata ctg gag cag ggg ccg agc			1793
Gly Gly Thr Val Pro Ser Ser Ala Gly Ile Leu Glu Gln Gly Pro Ser			
555	560	565	570
cca ggc gac ggc agt cct ccc aaa ccg aag gac cct gta tct gca gct			1841
Pro Gly Asp Gly Ser Pro Pro Lys Pro Lys Asp Pro Val Ser Ala			
	575	580	585
gtg cca gca cca ggg aga aac aac agt cag ata gca tct ggc caa aat			1889
Val Pro Ala Pro Gly Arg Asn Asn Ser Gln Ile Ala Ser Gly Gln Asn			
	590	595	600
cag ccc cag gca gct gct ggc tcc cac cag ctc tcc atg ggc caa cct			1937
Gln Pro Gln Ala Ala Ala Gly Ser His Gln Leu Ser Met Gly Gln Pro			
	605	610	615
cac aat gct gca ggg ccc agc ccg cat aca ctg cgc cga gct gtt aaa			1985
His Asn Ala Ala Gly Pro Ser Pro His Thr Leu Arg Arg Ala Val Lys			
	620	625	630
aaa ccc gct cca gca ccc ccg aaa ccg ggc aac cca cct cct ggc cac			2033
Lys Pro Ala Pro Ala Pro Pro Lys Pro Gly Asn Pro Pro Pro Gly His			
635	640	645	650
ccc ggg ggc cag agt tct tca gga aca tct cag cat cca ccc agt ctg			2081
Pro Gly Gly Gln Ser Ser Ser Gly Thr Ser Gln His Pro Pro Ser Leu			
	655	660	665
tca cca aag cca ccc acc cga agc ccc tct cct ccc acc cag cac acg			2129
Ser Pro Lys Pro Pro Thr Arg Ser Pro Ser Pro Pro Thr Gln His Thr			
	670	675	680
ggc cag cct cca ggc cag ccc tcc gcc ccc tcc cag ctc tca gca ccc			2177
Gly Gln Pro Pro Gly Gln Pro Ser Ala Pro Ser Gln Leu Ser Ala Pro			
	685	690	695
cgg agg tac tcc agc agc ttg tct cca atc caa gct ccc aat cac cca			2225

Arg Arg Tyr Ser Ser Ser Leu Ser Pro Ile Gln Ala Pro Asn His Pro	
700 705 710	
ccg ccg cag ccc cct acg cag gcc acg cca ctg atg cac acc aaa ccc	2273
Pro Pro Gln Pro Pro Thr Gln Ala Thr Pro Leu Met His Thr Lys Pro	
715 720 725 730	
aat agc cag ggc cct ccc aac ccc atg gca ttg ccc agt gag cat gga	2321
Asn Ser Gln Gly Pro Pro Asn Pro Met Ala Leu Pro Ser Glu His Gly	
735 740 745	
ctt gag cag cca tct cac acc cct ccc cag act cca acg ccc ccc agt	2369
Leu Glu Gln Pro Ser His Thr Pro Pro Gln Thr Pro Thr Pro Pro Ser	
750 755 760	
act ccg ccc cta gga aaa cag aac ccc agt ctg cca gct cct cag acc	2417
Thr Pro Pro Leu Gly Lys Gln Asn Pro Ser Leu Pro Ala Pro Gln Thr	
765 770 775	
ctg gca ggg ggt aac cct gaa act gca cag cca cat gct gga acc tta	2465
Leu Ala Gly Gly Asn Pro Glu Thr Ala Gln Pro His Ala Gly Thr Leu	
780 785 790	
ccg aga ccg aga cca gta cca aag cca agg aac cgg ccc agc gtg ccc	2513
Pro Arg Pro Arg Pro Val Pro Lys Pro Arg Asn Arg Pro Ser Val Pro	
795 800 805 810	
cca ccc ccc caa cct cct ggt gtc cac tca gct ggg gac agc agc ctc	2561
Pro Pro Pro Gln Pro Pro Gly Val His Ser Ala Gly Asp Ser Ser Leu	
815 820 825	
acc aac aca gca cca aca gct tcc aag ata gta aca gac tcc aat tcc	2609
Thr Asn Thr Ala Pro Thr Ala Ser Lys Ile Val Thr Asp Ser Asn Ser	
830 835 840	
agg gtt tca gaa ccg cat cgc agc atc ttt cct gaa atg cac tca gac	2657
Arg Val Ser Glu Pro His Arg Ser Ile Phe Pro Glu Met His Ser Asp	
845 850 855	

tca gcc agc aaa gac gtg cct ggc cgc atc ctg ctg gat ata gac aat 2705

Ser Ala Ser Lys Asp Val Pro Gly Arg Ile Leu Leu Asp Ile Asp Asn

860

865

870

gat acc gag agc act gcc ctg tgaagaaagc cctttcccag ccttccacca 2756

Asp Thr Glu Ser Thr Ala Leu

875

880

cttccaccct ggcgagtgga gcaggggcag gcgaacctct ttccttgcag accgaacagt 2816

gaaaagcttt cagtggagga caaaggaggg cctcactgtg cgggacctgg ccttctgcac 2876

ggcccaagga gaacctggag gccaccacta aagctgaatg acctgtgtct tgaagaagtt 2936

ggctttcttt acatgggaag gaaatcatgc caaaaaatc caaaacaaag aagtacctgg 2996

agtggagaga gtattcctgc tgaaacgcgc ataggaagct tttgtccctg ctgttaatgc 3056

gggcagcacc tacagcaact tggaatgagt aagaagcagt gcgttaacta tctatttaat 3116

aaaatgcgt cattatgcaa gtcgcctact ctctgctacc tggacgttca ttcttatgta 3176

ttaggagggga ggctgcgctc cttcagactt gctgcagaat cattttgtat catgtatggg 3236

ctgtgtctcc ccagtcccct cagaacctatg cccatggatg gtgactgctg gctctgtcac 3296

ctcatcaaac tggatgtgac ccatgccgcc tcgttggatt gtcggaatgt agacagaaat 3356

gtactgttct tttttttttt tttaaacaat gtaattgcta cttgataagg accgaacatt 3416

attctagttt catgtttaat ttgaattaaa tatattctgt ggtttatatg 3466

【 0 4 7 1 】

<210> 146

<211> 881

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 146

Met Lys Lys Gln Phe Asn Arg Met Lys Gln Leu Ala Asn Gln Thr Val

1

5

10

15

Gly Arg Ala Glu Lys Thr Glu Val Leu Ser Glu Asp Leu Leu Gln Ile

20

25

30

Glu Arg Arg Leu Asp Thr Val Arg Ser Ile Cys His His Ser His Lys

35	40	45
Arg Leu Val Ala Cys Phe Gln Gly Gln His Gly Thr Asp Ala Glu Arg		
50	55	60
Arg His Lys Lys Leu Pro Leu Thr Ala Leu Ala Gln Asn Met Gln Glu		
65	70	75
Ala Ser Thr Gln Leu Glu Asp Ser Leu Leu Gly Lys Met Leu Glu Thr		
85	90	95
Cys Gly Asp Ala Glu Asn Gln Leu Ala Leu Glu Leu Ser Gln His Glu		
100	105	110
Val Phe Val Glu Lys Glu Ile Val Asp Pro Leu Tyr Gly Ile Ala Glu		
115	120	125
Val Glu Ile Pro Asn Ile Gln Lys Gln Arg Lys Gln Leu Ala Arg Leu		
130	135	140
Val Leu Asp Trp Asp Ser Val Arg Ala Arg Trp Asn Gln Ala His Lys		
145	150	155
Ser Ser Gly Thr Asn Phe Gln Gly Leu Pro Ser Lys Ile Asp Thr Leu		
165	170	175
Lys Glu Glu Met Asp Glu Ala Gly Asn Lys Val Glu Gln Cys Lys Asp		
180	185	190
Gln Leu Ala Ala Asp Met Tyr Asn Phe Met Ala Lys Glu Gly Glu Tyr		
195	200	205
Gly Lys Phe Phe Val Thr Leu Leu Glu Ala Gln Ala Asp Tyr His Arg		
210	215	220
Lys Ala Leu Ala Val Leu Glu Lys Thr Leu Pro Glu Met Arg Ala His		
225	230	235
Gln Asp Lys Trp Ala Glu Lys Pro Ala Phe Gly Thr Pro Leu Glu Glu		
245	250	255
His Leu Lys Arg Ser Gly Arg Glu Ile Ala Leu Pro Ile Glu Ala Cys		
260	265	270

Val Met Leu Leu Leu Glu Thr Gly Met Lys Glu Glu Gly Leu Phe Arg
 275 280 285

Ile Gly Ala Gly Ala Ser Lys Leu Lys Lys Leu Lys Ala Ala Leu Asp
 290 295 300

Cys Ser Thr Ser His Leu Asp Glu Phe Tyr Ser Asp Pro His Ala Val
 305 310 315 320

Ala Gly Ala Leu Lys Ser Tyr Leu Arg Glu Leu Pro Glu Pro Leu Met
 325 330 335

Thr Phe Asn Leu Tyr Glu Glu Trp Thr Gln Val Ala Ser Val Gln Asp
 340 345 350

Gln Asp Lys Lys Leu Gln Asp Leu Trp Arg Thr Cys Gln Lys Leu Pro
 355 360 365

Pro Gln Asn Phe Val Asn Phe Arg Tyr Leu Ile Lys Phe Leu Ala Lys
 370 375 380

Leu Ala Gln Thr Ser Asp Val Asn Lys Met Thr Pro Ser Asn Ile Ala
 385 390 395 400

Ile Val Leu Gly Pro Asn Leu Leu Trp Ala Arg Asn Glu Gly Thr Leu
 405 410 415

Ala Glu Met Ala Ala Ala Thr Ser Val His Val Val Ala Val Ile Glu
 420 425 430

Pro Ile Ile Gln His Ala Asp Trp Phe Phe Pro Glu Glu Val Glu Phe
 435 440 445

Asn Val Ser Glu Ala Phe Val Pro Leu Thr Thr Pro Ser Ser Asn His
 450 455 460

Ser Phe His Thr Gly Asn Asp Ser Asp Ser Gly Thr Leu Glu Arg Lys
 465 470 475 480

Arg Pro Ala Ser Met Ala Val Met Glu Gly Asp Leu Val Lys Lys Glu
 485 490 495

Ser Phe Gly Val Lys Leu Met Asp Phe Gln Ala His Arg Arg Gly Gly

500	505	510
Thr Leu Asn Arg Lys His Ile Ser Pro Ala Phe Gln Pro Pro Leu Pro		
515	520	525
Pro Thr Asp Gly Ser Thr Val Val Pro Ala Gly Pro Glu Pro Pro Pro		
530	540	
Gln Ser Ser Arg Ala Glu Ser Ser Ser Gly Gly Gly Thr Val Pro Ser		
545	550	555
Ser Ala Gly Ile Leu Glu Gln Gly Pro Ser Pro Gly Asp Gly Ser Pro		560
565	570	575
Pro Lys Pro Lys Asp Pro Val Ser Ala Ala Val Pro Ala Pro Gly Arg		
580	585	590
Asn Asn Ser Gln Ile Ala Ser Gly Gln Asn Gln Pro Gln Ala Ala Ala		
595	600	605
Gly Ser His Gln Leu Ser Met Gly Gln Pro His Asn Ala Ala Gly Pro		
610	615	620
Ser Pro His Thr Leu Arg Arg Ala Val Lys Lys Pro Ala Pro Ala Pro		
625	630	635
Pro Lys Pro Gly Asn Pro Pro Pro Gly His Pro Gly Gly Gln Ser Ser		640
645	650	655
Ser Gly Thr Ser Gln His Pro Pro Ser Leu Ser Pro Lys Pro Pro Thr		
660	665	670
Arg Ser Pro Ser Pro Pro Thr Gln His Thr Gly Gln Pro Pro Gly Gln		
675	680	685
Pro Ser Ala Pro Ser Gln Leu Ser Ala Pro Arg Arg Tyr Ser Ser Ser		
690	695	700
Leu Ser Pro Ile Gln Ala Pro Asn His Pro Pro Pro Gln Pro Pro Thr		
705	710	715
Gln Ala Thr Pro Leu Met His Thr Lys Pro Asn Ser Gln Gly Pro Pro		720
725	730	735

Asn Pro Met Ala Leu Pro Ser Glu His Gly Leu Glu Gln Pro Ser His

740

745

750

Thr Pro Pro Gln Thr Pro Thr Pro Pro Ser Thr Pro Pro Leu Gly Lys

755

760

765

Gln Asn Pro Ser Leu Pro Ala Pro Gln Thr Leu Ala Gly Gly Asn Pro

770

775

780

Glu Thr Ala Gln Pro His Ala Gly Thr Leu Pro Arg Pro Arg Pro Val

785

790

795

800

Pro Lys Pro Arg Asn Arg Pro Ser Val Pro Pro Pro Pro Gln Pro Pro

805

810

815

Gly Val His Ser Ala Gly Asp Ser Ser Leu Thr Asn Thr Ala Pro Thr

820

825

830

Ala Ser Lys Ile Val Thr Asp Ser Asn Ser Arg Val Ser Glu Pro His

835

840

845

Arg Ser Ile Phe Pro Glu Met His Ser Asp Ser Ala Ser Lys Asp Val

850

855

860

Pro Gly Arg Ile Leu Leu Asp Ile Asp Asn Asp Thr Glu Ser Thr Ala

865

870

875

880

Leu

【0 4 7 2】

<210> 147

<211> 3021

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (140)..(1105)

<400> 147

gagctgccgc tgtcgtcttt gcttcagccg cagtcgccac tggctgcctg aggtgctctt 60

acagcctgtt ccaagtgtgg cttaatccgt ctccaccacc agatctttct ccgtggattc 120
ctctgctaag accgctgcc atg cca gtg acg gta acc cgc acc acc atc aca 172
Met Pro Val Thr Val Thr Arg Thr Thr Ile Thr
1 5 10
acg ccc acc acc acc acc acc acc acc acc acc acc acc acc acc acc 220
Thr Thr Thr Thr Ser Ser Ser Gly Leu Gly Ser Pro Met Ile Val Gly
15 20 25
tcc cct cgg gcc ctg aca cag ccc ctg ggt ctc ctt cgc ctg ctg cag 268
Ser Pro Arg Ala Leu Thr Gln Pro Leu Gly Leu Leu Arg Leu Leu Gln
30 35 40
ctg gtg tct acc tgc gtg gcc ttc tcg ctg gtg gct agc gtg ggc gcc 316
Leu Val Ser Thr Cys Val Ala Phe Ser Leu Val Ala Ser Val Gly Ala
45 50 55
tgg acg ggg tcc atg ggc aac tgg tcc atg ttc acc tgg tgc ttc tgc 364
Trp Thr Gly Ser Met Gly Asn Trp Ser Met Phe Thr Trp Cys Phe Cys
60 65 70 75
ttc tcc gtg acc ctg atc atc ctc atc gtg gag ctg tgc ggg ctc cag 412
Phe Ser Val Thr Leu Ile Ile Leu Ile Val Glu Leu Cys Gly Leu Gln
80 85 90
gcc cgc ttc ccc ctg tct tgg cgc aac ttc ccc atc acc ttc gcc tgc 460
Ala Arg Phe Pro Leu Ser Trp Arg Asn Phe Pro Ile Thr Phe Ala Cys
95 100 105
tat gcg ggc ctc ttc tgc ctc tcg gcc tcc atc atc tac ccc acc acc 508
Tyr Ala Gly Leu Phe Cys Leu Ser Ala Ser Ile Ile Tyr Pro Thr Thr
110 115 120
tat gtc cag ttc ctg tcc cac ggc cgt tcg cgg gac cac gcc atc gcc 556
Tyr Val Gln Phe Leu Ser His Gly Arg Ser Arg Asp His Ala Ile Ala
125 130 135
gcc acc ttc ttc tcc tgc atc gcg tgt gtg gct tac gcc acc gaa gtg 604

Ala Thr Phe Phe Ser Cys Ile Ala Cys Val Ala Tyr Ala Thr Glu Val	
140	145 150 155
gcc tgg acc cgg gcc cgg ccc ggc gag atc act ggc tat atg gcc acc	652
Ala Trp Thr Arg Ala Arg Pro Gly Glu Ile Thr Gly Tyr Met Ala Thr	
	160 165 170
gta ccc ggg ctg ctg aag gtg ctg gag acc ttc gtt gcc tgc atc atc	700
Val Pro Gly Leu Leu Lys Val Leu Glu Thr Phe Val Ala Cys Ile Ile	
	175 180 185
ttc gcg ttc atc agc gac ccc aac ctg tac cag cac cag ccg gcc ctg	748
Phe Ala Phe Ile Ser Asp Pro Asn Leu Tyr Gln His Gln Pro Ala Leu	
	190 195 200
gag tgg tgc gtg gcg gtg tac gcc atc tgc ttc atc cta gcg gcc atc	796
Glu Trp Cys Val Ala Val Tyr Ala Ile Cys Phe Ile Leu Ala Ala Ile	
	205 210 215
gcc atc ctg ctg aac ctg ggg gag tgc acc aac gtg cta ccc atc ccc	844
Ala Ile Leu Leu Asn Leu Gly Glu Cys Thr Asn Val Leu Pro Ile Pro	
	220 225 230 235
ttc ccc agc ttc ctg tcg ggg ctg gcc ttg ctg tct gtc ctc ctc tat	892
Phe Pro Ser Phe Leu Ser Gly Leu Ala Leu Leu Ser Val Leu Leu Tyr	
	240 245 250
gcc acc gcc ctt gtt ctc tgg ccc ctc tac cag ttc gat gag aag tat	940
Ala Thr Ala Leu Val Leu Trp Pro Leu Tyr Gln Phe Asp Glu Lys Tyr	
	255 260 265
ggc ggc cag cct cgg cgc tcg aga gat gta agc tgc agc cgc agc cat	988
Gly Gly Gln Pro Arg Arg Ser Arg Asp Val Ser Cys Ser Arg Ser His	
	270 275 280
gcc tac tac gtg tgt gcc tgg gac cgc cga ctg gct gtg gcc atc ctg	1036
Ala Tyr Tyr Val Cys Ala Trp Asp Arg Arg Leu Ala Val Ala Ile Leu	
	285 290 295

acg gcc atc aac cta ctg gcg tat gtg gct gac ctg gtg cac tct gcc 1084

Thr Ala Ile Asn Leu Leu Ala Tyr Val Ala Asp Leu Val His Ser Ala

300

305

310

315

cac ctg gtt ttt gtc aag gtc taagactctc ccaagaggct cccgttcct 1135

His Leu Val Phe Val Lys Val

320

ctccaacctc ttgtttcttc ttgcccaggt tttctttatg gactacttct ttcttcgcc 1195

tttctctgt ttctcttc ctgtctccc tccctccac cttttcttt ctttccaat 1255

tccttgcaact ctaaccagtt ctggatgca tcttcttct tcccttctt ctgtctgttt 1315

cttctctgt ttgtttgtt gccacatcc tgttttacc cctgagctgt ttctctttt 1375

ctttctttc tttttttt tttttaaga cggattctca ctctgtggcc caggctggag 1435

cgcagtgggt cgatctgac tactgcaac cccgcctcc tgggttcaag cgattctct 1495

gccccagcct cccaagtagc tgggaggaca ggtgtgagct gccgcacca gcctgtttct 1555

cttttccac tcttctttt tctctctct tttctgggt gcctgtcggc tttcttatct 1615

gcctgtttt caagcacct ctctgtgtc ctggggagcc ctgagacttc tttctctct 1675

tgctccacc cactccaaa ggtgtgagc tcacatccac accccttgca gccgtccatg 1735

ccacagcccc ccaaggggc ccattgccaa agcatgcctg cccaccctcg ctgtgcctta 1795

gtcagtgtgt acgtgtgtgt gtgtgtgtgt ttgggggggt ggggggtgggt agctggggat 1855

tgggccctct ttctcccagt ggaggaaggt gtgcagtgt cttcccctt aaattaaaaa 1915

acatatatat atatatatt ggaggtcagt aatttccaat gggcgaggagg cattaagcac 1975

cgaccctggg tccctaggcc ccgcctggca ctgagccttg ccagagattg gctccagaat 2035

ttttgccagg cttacagaac acccactgcc tagaggccat cttaaaggaa gcaggggctg 2095

gatgccttt atcccaacta ttctctgttg tatgaaaaag aaaaaaaaaa aaaaagaagg 2155

agtcggggcc gggcgtgggt gtcacgcct gtaatcccag cactttggga gaccaagtca 2215

ggcaatcatc tgaagtcagg agttcaagac cagcctggcc aacatgggtga aagcatgtct 2275

ctattaaaaa taaaaaatt agccgggcgt ggtggcgggc gcctgtaatc ccaggtattt 2335

ggggggactg agacaggaga atcccttcaa cccgggaggt ggaggttgca gtaagtcaag 2395

atggcaccac tgtgtctcag cctgggggac agagcgagac tccatctcaa aaaaaaagg 2455

gaatcggacg aagaaccaca ggatgttgaa gacaactgtc tgaagtattt gtgagggaca 2515

gcgatgtggc cctctgtgtt aagaataacg tgtcctgctt tggcagagag aagaaaatag 2575
 ccactgcccg ctttcaaggc aagatcgacc ttttctgttt tgttttgttt ttctttcttt 2635
 ttcttgcca tgaggacaaa aattactgag tggcccttaa agagggaagt ttgttttcag 2695
 ctgttctctt ttgcccgtag gtgggagggt ggggattgct gcgtcctagc tagaggaatg 2755
 gctttgcttg aatgigttagt gcacacgcac gggigtittct gtgtgctagt tgcittcttgc 2815
 tgcctgttcc tgcctgtctg ggaacacac acataacgtg atatatatat atatatataa 2875
 atgtataaat atatatatta ttttttttta aatccttgga gcttctgggt cctatcagtt 2935
 cctgttggtta atcgtagaac cgttgctcct tccccattc ccgtatccat catgttcttt 2995
 ttcttttaaa tatcaatata aaaggt 3021

【 0 4 7 3 】

<210> 148

<211> 322

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 148

Met	Pro	Val	Thr	Val	Thr	Arg	Thr	Thr	Ile	Thr	Thr	Thr	Thr	Ser
1				5					10					15
Ser	Ser	Gly	Leu	Gly	Ser	Pro	Met	Ile	Val	Gly	Ser	Pro	Arg	Ala
				20					25					30
Thr	Gln	Pro	Leu	Gly	Leu	Leu	Arg	Leu	Leu	Gln	Leu	Val	Ser	Thr
				35				40						45
Val	Ala	Phe	Ser	Leu	Val	Ala	Ser	Val	Gly	Ala	Trp	Thr	Gly	Ser
				50				55						60
Gly	Asn	Trp	Ser	Met	Phe	Thr	Trp	Cys	Phe	Cys	Phe	Ser	Val	Thr
				65				70						75
Ile	Ile	Leu	Ile	Val	Glu	Leu	Cys	Gly	Leu	Gln	Ala	Arg	Phe	Pro
				85				90						95
Ser	Trp	Arg	Asn	Phe	Pro	Ile	Thr	Phe	Ala	Cys	Tyr	Ala	Gly	Leu
				100				105						110

Cys Leu Ser Ala Ser Ile Ile Tyr Pro Thr Thr Tyr Val Gln Phe Leu
 115 120 125
 Ser His Gly Arg Ser Arg Asp His Ala Ile Ala Ala Thr Phe Phe Ser
 130 135 140
 Cys Ile Ala Cys Val Ala Tyr Ala Thr Glu Val Ala Trp Thr Arg Ala
 145 150 155 160
 Arg Pro Gly Glu Ile Thr Gly Tyr Met Ala Thr Val Pro Gly Leu Leu
 165 170 175
 Lys Val Leu Glu Thr Phe Val Ala Cys Ile Ile Phe Ala Phe Ile Ser
 180 185 190
 Asp Pro Asn Leu Tyr Gln His Gln Pro Ala Leu Glu Trp Cys Val Ala
 195 200 205
 Val Tyr Ala Ile Cys Phe Ile Leu Ala Ala Ile Ala Ile Leu Leu Asn
 210 215 220
 Leu Gly Glu Cys Thr Asn Val Leu Pro Ile Pro Phe Pro Ser Phe Leu
 225 230 235 240
 Ser Gly Leu Ala Leu Leu Ser Val Leu Leu Tyr Ala Thr Ala Leu Val
 245 250 255
 Leu Trp Pro Leu Tyr Gln Phe Asp Glu Lys Tyr Gly Gly Gln Pro Arg
 260 265 270
 Arg Ser Arg Asp Val Ser Cys Ser Arg Ser His Ala Tyr Tyr Val Cys
 275 280 285
 Ala Trp Asp Arg Arg Leu Ala Val Ala Ile Leu Thr Ala Ile Asn Leu
 290 295 300
 Leu Ala Tyr Val Ala Asp Leu Val His Ser Ala His Leu Val Phe Val
 305 310 315 320
 Lys Val

【 0 4 7 4 】

<210> 149

<211> 4409

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (39)..(2027)

<400> 149

ggtgtcagga tcgcagaaag tatgtccctt ctctcacc atg agc tgg ctc tcc agt 56

Met Ser Trp Leu Ser Ser

1

5

tcc cag gga gtg gta cta aca gcc tac cac ccc agc ggc aag gac cag 104

Ser Gln Gly Val Val Leu Thr Ala Tyr His Pro Ser Gly Lys Asp Gln

10

15

20

gcc gtc ggg aac agc cat gca aag gca ggg gag gaa gcc acc tcg agt 152

Ala Val Gly Asn Ser His Ala Lys Ala Gly Glu Glu Ala Thr Ser Ser

25

30

35

cgc aga tat ggc cag tac act atg aac cag gaa agc acc acc atc aaa 200

Arg Arg Tyr Gly Gln Tyr Thr Met Asn Gln Glu Ser Thr Thr Ile Lys

40

45

50

gtt atg gag aag cct cca ttt gat cga tca att tcc cag gat tct ttg 248

Val Met Glu Lys Pro Pro Phe Asp Arg Ser Ile Ser Gln Asp Ser Leu

55

60

65

70

gat gaa cta tct atg gaa gac tat tgg ata gaa cta gaa aac atc aag 296

Asp Glu Leu Ser Met Glu Asp Tyr Trp Ile Glu Leu Glu Asn Ile Lys

75

80

85

aaa tct agt gaa aac agc caa gaa gat caa gag gtg gtt gtt gtc aaa 344

Lys Ser Ser Glu Asn Ser Gln Glu Asp Gln Glu Val Val Val Val Lys

90

95

100

gag cct gat gag gga gaa ttg gaa gaa gag tgg ctt aaa gag gcc ggt 392

Glu Pro Asp Glu Gly Glu Leu Glu Glu Glu Trp Leu Lys Glu Ala Gly
 105 110 115
 tta tcc aat ctc ttc gga gag tct gct gga gat cca cag gaa agc att 440
 Leu Ser Asn Leu Phe Gly Glu Ser Ala Gly Asp Pro Gln Glu Ser Ile
 120 130
 gtg ttt tta tca aca ttg acg cgg acc cag gca gca gca gtt cag aag 488
 Val Phe Leu Ser Thr Leu Thr Arg Thr Gln Ala Ala Ala Val Gln Lys
 135 140 145 150
 cga gta gag acg gtc tcc cag acc ttg agg aaa aaa aac aaa cag tac 536
 Arg Val Glu Thr Val Ser Gln Thr Leu Arg Lys Lys Asn Lys Gln Tyr
 155 160 165
 cag att cct gac gtc aga gac ata ttt gct caa cag aga gaa tca aaa 584
 Gln Ile Pro Asp Val Arg Asp Ile Phe Ala Gln Gln Arg Glu Ser Lys
 170 175 180
 gaa aca gct cca ggt ggc act gaa tcg cag tca ctt aga aca aat gaa 632
 Glu Thr Ala Pro Gly Gly Thr Glu Ser Gln Ser Leu Arg Thr Asn Glu
 185 190 195
 aac aaa tac caa gga aga gat gac gag gca tct aac ctt gtt ggt gaa 680
 Asn Lys Tyr Gln Gly Arg Asp Asp Glu Ala Ser Asn Leu Val Gly Glu
 200 205 210
 gag aag ctg atc cca cct gag gag acg cct gcc cct gaa aca gac atc 728
 Glu Lys Leu Ile Pro Pro Glu Glu Thr Pro Ala Pro Glu Thr Asp Ile
 215 220 225 230
 aac ctg gag gta tca ttt gcc gag caa gca ctc aat cag aaa gag agc 776
 Asn Leu Glu Val Ser Phe Ala Glu Gln Ala Leu Asn Gln Lys Glu Ser
 235 240 245
 tcc aag gag aaa atc cag aag agc aaa ggc gat gat gcc aca tta cct 824
 Ser Lys Glu Lys Ile Gln Lys Ser Lys Gly Asp Asp Ala Thr Leu Pro
 250 255 260

agt ttc aga ttg cca aaa gac aaa acg ggt acc aca agg att ggt gac	872
Ser Phe Arg Leu Pro Lys Asp Lys Thr Gly Thr Thr Arg Ile Gly Asp	
265 270 275	
ctc gca ccc cag gac atg aag aaa gtt tgc cat tta gcc cta att gag	920
Leu Ala Pro Gln Asp Met Lys Lys Val Cys His Leu Ala Leu Ile Glu	
280 285 290	
ctg act gcc ctc tat gat gta ttg ggt att gag ctg aaa caa caa aaa	968
Leu Thr Ala Leu Tyr Asp Val Leu Gly Ile Glu Leu Lys Gln Gln Lys	
295 300 305 310	
gct gtg aaa atc aaa aca aaa gat tct ggt ctt ttt tgc gtt cca ttg	1016
Ala Val Lys Ile Lys Thr Lys Asp Ser Gly Leu Phe Cys Val Pro Leu	
315 320 325	
aca gcg cta tta gaa caa gat cag agg aaa gta cca gga atg cga ata	1064
Thr Ala Leu Leu Glu Gln Asp Gln Arg Lys Val Pro Gly Met Arg Ile	
330 335 340	
ccc ttg atc ttt caa aaa ctg att tct cga att gaa gag aga ggt ttg	1112
Pro Leu Ile Phe Gln Lys Leu Ile Ser Arg Ile Glu Glu Arg Gly Leu	
345 350 355	
gaa aca gaa ggc ctc tta cgg atc cct gga gct gcc att aga atc aag	1160
Glu Thr Glu Gly Leu Leu Arg Ile Pro Gly Ala Ala Ile Arg Ile Lys	
360 365 370	
aat ctt tgc caa gaa cta gaa gca aag ttt tat gaa ggg act ttt aat	1208
Asn Leu Cys Gln Glu Leu Glu Ala Lys Phe Tyr Glu Gly Thr Phe Asn	
375 380 385 390	
tgg gaa agt gtc aaa cag cat gat gcc gcc agc ctg ctg aag ctc ttc	1256
Trp Glu Ser Val Lys Gln His Asp Ala Ala Ser Leu Leu Lys Leu Phe	
395 400 405	
att cgg gag ttg ccc cag cca ctg ctc agt gtg gag tat ctc aaa gcc	1304
Ile Arg Glu Leu Pro Gln Pro Leu Leu Ser Val Glu Tyr Leu Lys Ala	

410	415	420	
ttt cag gct gtc cag aat ctt cca acc aag aag cag caa cta cag gct			1352
Phe Gln Ala Val Gln Asn Leu Pro Thr Lys Lys Gln Gln Leu Gln Ala			
425	430	435	
ttg aac ctt ctt ggc atc ctc cta cct gat gca aac agg gac aca ctg			1400
Leu Asn Leu Leu Gly Ile Leu Leu Pro Asp Ala Asn Arg Asp Thr Leu			
440	445	450	
aag gcc ctt ctt gaa ttt ctc caa aga gta ata gat aat aaa gaa aaa			1448
Lys Ala Leu Leu Glu Phe Leu Gln Arg Val Ile Asp Asn Lys Glu Lys			
455	460	465	470
aat aaa atg aca gtc atg aat gta gca atg gtc atg gcc ccg aat ctc			1496
Asn Lys Met Thr Val Met Asn Val Ala Met Val Met Ala Pro Asn Leu			
475	480	485	
ttt atg tgt cat gca ttg gga ttg aag tcc agt gaa cag cga gaa ttt			1544
Phe Met Cys His Ala Leu Gly Leu Lys Ser Ser Glu Gln Arg Glu Phe			
490	495	500	
gta atg gca gct ggg aca gca aat acc atg cac tta ttg att aag tac			1592
Val Met Ala Ala Gly Thr Ala Asn Thr Met His Leu Leu Ile Lys Tyr			
505	510	515	
caa aaa ctt ctg tgg aca att ccc aag ttt att gta aac caa gtg agg			1640
Gln Lys Leu Leu Trp Thr Ile Pro Lys Phe Ile Val Asn Gln Val Arg			
520	525	530	
aag caa aac acg gaa aat cat aaa aag gat aaa aga gcc atg aag aaa			1688
Lys Gln Asn Thr Glu Asn His Lys Lys Asp Lys Arg Ala Met Lys Lys			
535	540	545	550
ttg ctg aag aaa atg gct tat gac cga gaa aaa tat gaa aag caa gat			1736
Leu Leu Lys Lys Met Ala Tyr Asp Arg Glu Lys Tyr Glu Lys Gln Asp			
555	560	565	
aag agt aca aat gat gct gac gtt cct cag gga gtg att cga gtg caa			1784

Lys Ser Thr Asn Asp Ala Asp Val Pro Gln Gly Val Ile Arg Val Gln
570 575 580
gct ccc cat ctt tcg aaa gtt tcc atg gca ata cag cta act gaa gaa 1832
Ala Pro His Leu Ser Lys Val Ser Met Ala Ile Gln Leu Thr Glu Glu
585 590 595
cta aaa gcc agt gat gla ctt gcc agg ttt ctc agc caa gaa agt ggt 1880
Leu Lys Ala Ser Asp Val Leu Ala Arg Phe Leu Ser Gln Glu Ser Gly
600 605 610
gtt gcc cag act ctc aag aaa gga gaa gtt ttt ttg tat gaa att gga 1928
Val Ala Gln Thr Leu Lys Lys Gly Glu Val Phe Leu Tyr Glu Ile Gly
615 620 625 630
gga aat att ggg gaa cgc tgc ctt gat gat gac act tac atg aag gat 1976
Gly Asn Ile Gly Glu Arg Cys Leu Asp Asp Asp Thr Tyr Met Lys Asp
635 640 645
tta tat cag ctt aac cca aat gct gag tgg gtt ata aag tca aag cca 2024
Leu Tyr Gln Leu Asn Pro Asn Ala Glu Trp Val Ile Lys Ser Lys Pro
650 655 660
ttg tagaagactt aacaagctgc agataaccat gtggacttct gtcataattc 2077
Leu
ttgctgagtc aagagtgtaa ataaaagaaa tggcaggact catattattc agttgtaccc 2137
aagtatttaa aaatgactct cttaagcctt aaaaagtcac agatttgtgc tgctgccaga 2197
attatattaa ttattattaa tgttattatt agaaaaaaaa tttctggagt gagagtaaag 2257
aggcttaatt agtttgtggg cagttttcat atgctctgtg aaatgtgtcc agatgtgaca 2317
tagttttttt tttttttaat atgtggaaat gtcttctctt cccattcttt tctcctaaaa 2377
tcatatatac tgtaatatat gctctctcac ctctattacc tctcacatc taccctttcc 2437
cagttagggtt tgctttttga ccaaaaagat aacaaatacc aggtatggca agttgtgaag 2497
acagcacatt aaaacatacc taatttcaca gtattcctgt cagcacagaa tgttagtatt 2557
catctctttg aatcatttgc tcaaataata acattccacc ttttctgct gtatcacagg 2617
aagtgatttg catttttttt cagttcatct gacttatgtt cacagaaccg tatcagcgac 2677

caagaaaata ggactgtcag aagctgccag ttattactga accattaaat acttatatac 2737
 taagaataaa taaaatatac ccatgtgaaa taataattgg attatggata acaagagagt 2797
 gaaagccaaa gcactttctg tctactgtac tcttctaaat ggaattttaa aagtcatagc 2857
 tggcttttacg tgttgtcatt attagcatta taaatatgca tgatagtata atccagtaat 2917
 ggttgaagaa tgtattttac ttaaagaggg attttttttt ttaagtcctg aataagtcta 2977
 ctggaagaat tattcttctg ggtgaaaagc tttgtttgt gttcttattt taaaataatcg 3037
 gagtcaattt attaaaatgt tcttgaaagt actattccca gggattttta tgcacaaacc 3097
 atattgtgac aagagatgag cctctgtact gtaaataaga aatgaagtag agaaatgtta 3157
 aatattttat gagtttagaa tatagtaaata aaaaggtgat gtaaataaat gctgcacaaa 3217
 cgggtgttcat gatactttta gtagtacttt aggaaaaact acacattctc agaagctctt 3277
 gatgtctcta atgaaggggg ggaatgctgt taatgagaac agtcataaat ttttagcata 3337
 taattacaag aacagcctgt ggatatgac acttaaatga ttttgtggtg attcgtgcc 3397
 ttgctttttt atttaaaaga aaattttgta attaaatgcc ttttctaaa ttatcttctc 3457
 ttggaatcat tacttttaat cctatgtgtt tatgagtatt tttgcttttt ttttattaat 3517
 attgagaaat ggactttttt gttattaaaa gtcacctcta ttttctattt tctttgtaat 3577
 ttttaaagta ggaagatgtc agagatgtaa atatgttttc gtcttttagtt ttttccttt 3637
 tacaattttt tattcttcag gattttcaaa atacagttaa gtctgtttct ttgacaatat 3697
 gtattaattt cccaattagc aaaatggtac ttattagtgg gttgaaaaca attaataata 3757
 taaaagaaaa attaatgtct taaaacattt taggagtata caacttcaaa aaaaaagata 3817
 gcagtgagga taatgattta agtaaaaggt tgtctgaagc atatgccaac taaatttcgc 3877
 aacgtttgct acctacctga aaaggagggt caggaggagg acacaacata tttttgatca 3937
 tgaaaaagta tcttaatttt aaaaaagtga aaatgccatt ttattttgaa tcccttttag 3997
 aactcacgac ccaagttcat caatgttgaa taatatcacg tttaaataac aaaaaaatat 4057
 ggactttaaa aaatctcaaa ttttttagag acagggtctt gctctgtttt ccagattgga 4117
 gtgcagcagt gcattcgagg ctaactgcag cctcaagcac tggggctcaa gcaaacctcc 4177
 tgcctcagcc tcgtgagtag ctaggaccac aggtgcatgc caccatgcct ggctctaaag 4237
 agaaaaaaaa ctgatacca tagagccttg aatataaata tctgatgtt aacctactgc 4297
 ttttgctgtg attttttttc cttagttagt tttaaatctc aggctagatt tttatttggt 4357
 tttctgtgtg tgtatgagac aaaataaaaa taaatatatt tgccttgagt tt 4409

【 0 4 7 5 】

<210> 150

<211> 663

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 150

Met	Ser	Trp	Leu	Ser	Ser	Ser	Gln	Gly	Val	Val	Leu	Thr	Ala	Tyr	His
1				5							10				15
Pro	Ser	Gly	Lys	Asp	Gln	Ala	Val	Gly	Asn	Ser	His	Ala	Lys	Ala	Gly
				20					25					30	
Glu	Glu	Ala	Thr	Ser	Ser	Arg	Arg	Tyr	Gly	Gln	Tyr	Thr	Met	Asn	Gln
				35					40				45		
Glu	Ser	Thr	Thr	Ile	Lys	Val	Met	Glu	Lys	Pro	Pro	Phe	Asp	Arg	Ser
				50			55				60				
Ile	Ser	Gln	Asp	Ser	Leu	Asp	Glu	Leu	Ser	Met	Glu	Asp	Tyr	Trp	Ile
				65			70				75				80
Glu	Leu	Glu	Asn	Ile	Lys	Lys	Ser	Ser	Glu	Asn	Ser	Gln	Glu	Asp	Gln
				85						90				95	
Glu	Val	Val	Val	Val	Lys	Glu	Pro	Asp	Glu	Gly	Glu	Leu	Glu	Glu	Glu
				100					105				110		
Trp	Leu	Lys	Glu	Ala	Gly	Leu	Ser	Asn	Leu	Phe	Gly	Glu	Ser	Ala	Gly
				115					120				125		
Asp	Pro	Gln	Glu	Ser	Ile	Val	Phe	Leu	Ser	Thr	Leu	Thr	Arg	Thr	Gln
				130					135				140		
Ala	Ala	Ala	Val	Gln	Lys	Arg	Val	Glu	Thr	Val	Ser	Gln	Thr	Leu	Arg
				145					150				155		160
Lys	Lys	Asn	Lys	Gln	Tyr	Gln	Ile	Pr	Asp	Val	Arg	Asp	Ile	Phe	Ala
				165						170				175	
Gln	Gln	Arg	Glu	Ser	Lys	Glu	Thr	Ala	Pro	Gly	Gly	Thr	Glu	Ser	Gln

180	185	190
Ser Leu Arg Thr Asn Glu Asn Lys Tyr Gln Gly Arg Asp Asp Glu Ala		
195	200	205
Ser Asn Leu Val Gly Glu Glu Lys Leu Ile Pro Pro Glu Glu Thr Pro		
210	215	220
Ala Pro Glu Thr Asp Ile Asn Leu Glu Val Ser Phe Ala Glu Gln Ala		
225	230	235
Leu Asn Gln Lys Glu Ser Ser Lys Glu Lys Ile Gln Lys Ser Lys Gly		
245	250	255
Asp Asp Ala Thr Leu Pro Ser Phe Arg Leu Pro Lys Asp Lys Thr Gly		
260	265	270
Thr Thr Arg Ile Gly Asp Leu Ala Pro Gln Asp Met Lys Lys Val Cys		
275	280	285
His Leu Ala Leu Ile Glu Leu Thr Ala Leu Tyr Asp Val Leu Gly Ile		
290	295	300
Glu Leu Lys Gln Gln Lys Ala Val Lys Ile Lys Thr Lys Asp Ser Gly		
305	310	315
Leu Phe Cys Val Pro Leu Thr Ala Leu Leu Glu Gln Asp Gln Arg Lys		
325	330	335
Val Pro Gly Met Arg Ile Pro Leu Ile Phe Gln Lys Leu Ile Ser Arg		
340	345	350
Ile Glu Glu Arg Gly Leu Glu Thr Glu Gly Leu Leu Arg Ile Pro Gly		
355	360	365
Ala Ala Ile Arg Ile Lys Asn Leu Cys Gln Glu Leu Glu Ala Lys Phe		
370	375	380
Tyr Glu Gly Thr Phe Asn Trp Glu Ser Val Lys Gln His Asp Ala Ala		
385	390	395
Ser Leu Leu Lys Leu Phe Ile Arg Glu Leu Pro Gln Pro Leu Leu Ser		
405	410	415

Val Glu Tyr Leu Lys Ala Phe Gln Ala Val Gln Asn Leu Pro Thr Lys			
420	425	430	
Lys Gln Gln Leu Gln Ala Leu Asn Leu Leu Gly Ile Leu Leu Pro Asp			
435	440	445	
Ala Asn Arg Asp Thr Leu Lys Ala Leu Leu Glu Phe Leu Gln Arg Val			
450	455	460	
Ile Asp Asn Lys Glu Lys Asn Lys Met Thr Val Met Asn Val Ala Met			
465	470	475	480
Val Met Ala Pro Asn Leu Phe Met Cys His Ala Leu Gly Leu Lys Ser			
485	490	495	
Ser Glu Gln Arg Glu Phe Val Met Ala Ala Gly Thr Ala Asn Thr Met			
500	505	510	
His Leu Leu Ile Lys Tyr Gln Lys Leu Leu Trp Thr Ile Pro Lys Phe			
515	520	525	
Ile Val Asn Gln Val Arg Lys Gln Asn Thr Glu Asn His Lys Lys Asp			
530	535	540	
Lys Arg Ala Met Lys Lys Leu Leu Lys Lys Met Ala Tyr Asp Arg Glu			
545	550	555	560
Lys Tyr Glu Lys Gln Asp Lys Ser Thr Asn Asp Ala Asp Val Pro Gln			
565	570	575	
Gly Val Ile Arg Val Gln Ala Pro His Leu Ser Lys Val Ser Met Ala			
580	585	590	
Ile Gln Leu Thr Glu Glu Leu Lys Ala Ser Asp Val Leu Ala Arg Phe			
595	600	605	
Leu Ser Gln Glu Ser Gly Val Ala Gln Thr Leu Lys Lys Gly Glu Val			
610	615	620	
Phe Leu Tyr Glu Ile Gly Gly Asn Ile Gly Glu Arg Cys Leu Asp Asp			
625	630	635	640
Asp Thr Tyr Met Lys Asp Leu Tyr Gln Leu Asn Pro Asn Ala Glu Trp			

645

650

655

Val Ile Lys Ser Lys Pro Leu

660

【 0 4 7 6 】

<210> 151

<211> 4490

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (3)..(2591)

<400> 151

aa atg ggc tac atc ccc tcc tcc tat gtg cag ccc ttg aac tac cgg 47

Met Gly Tyr Ile Pro Ser Ser Tyr Val Gln Pro Leu Asn Tyr Arg

1 5 10 15

aac tca aca ctg agt gac agc ggt atg att gat aat ctt cca gac agc 95

Asn Ser Thr Leu Ser Asp Ser Gly Met Ile Asp Asn Leu Pro Asp Ser

20 25 30

cca gac gag gta gcc aag gag ctg gag ctg ctc ggg gga tgg aca gat 143

Pro Asp Glu Val Ala Lys Glu Leu Glu Leu Leu Gly Gly Trp Thr Asp

35 40 45

gac aaa aaa gta cca ggc aga atg tac agt aat aac cct ttc tgg aat 191

Asp Lys Lys Val Pro Gly Arg Met Tyr Ser Asn Asn Pro Phe Trp Asn

50 55 60

ggg gtc cag acc aat cca ttt ctg aat ggg aac gtg ccc gtc atg ccc 239

Gly Val Gln Thr Asn Pro Phe Leu Asn Gly Asn Val Pro Val Met Pro

65 70 75

agc ctg gat gag ctg aat ccc aaa agt act gtg gat ttg ctc ctt ttt 287

Ser Leu Asp Glu Leu Asn Pro Lys Ser Thr Val Asp Leu Leu Leu Phe

80	85	90	95	
gac gca ggt aca tcc tcc ttc acc gaa tcc agc tca gcc acc acg aat	335			
Asp Ala Gly Thr Ser Ser Phe Thr Glu Ser Ser Ser Ala Thr Thr Asn				
100	105	110		
agc act ggc aac atc ttc gat gag ctt cca gtc aca aac ggg ctc cac	383			
Ser Thr Gly Asn Ile Phe Asp Glu Leu Pro Val Thr Asn Gly Leu His				
115	120	125		
gca gag ccg ccg gtc agg cgg gac aac ccc ttc ttc aga agc aag cgc	431			
Ala Glu Pro Pro Val Arg Arg Asp Asn Pro Phe Phe Arg Ser Lys Arg				
130	135	140		
tcc tac agt ctc tcg gaa ctc tcc gtc ctc caa gcc aag tcc gac gct	479			
Ser Tyr Ser Leu Ser Glu Leu Ser Val Leu Gln Ala Lys Ser Asp Ala				
145	150	155		
ccc aca tcg tcg agt ttc ttc acc ggc ttg aaa tca cct gcc ccc gag	527			
Pro Thr Ser Ser Ser Phe Phe Thr Gly Leu Lys Ser Pro Ala Pro Glu				
160	165	170	175	
caa ttt cag agc cgg gag gat ttt cga act gcc tgg cta aac cac agg	575			
Gln Phe Gln Ser Arg Glu Asp Phe Arg Thr Ala Trp Leu Asn His Arg				
180	185	190		
aag ctg gcc cgg tct tgc cac gac ctg gac ttg ctt ggc caa agc cct	623			
Lys Leu Ala Arg Ser Cys His Asp Leu Asp Leu Leu Gly Gln Ser Pro				
195	200	205		
ggt tgg ggc cag acc caa gcc gtg gag aca aac atc gtg tgc aag ctg	671			
Gly Trp Gly Gln Thr Gln Ala Val Glu Thr Asn Ile Val Cys Lys Leu				
210	215	220		
gat agc tcc ggg ggt gct gtc cag ctt cct gac acc agc atc agc atc	719			
Asp Ser Ser Gly Gly Ala Val Gln Leu Pro Asp Thr Ser Ile Ser Ile				
225	230	235		
cac gtg ccc gag ggc cac gtc gcc cct ggg gag acc cag cag atc tcc	767			

His Val Pro Glu Gly His Val Ala Pro Gly Glu Thr Gln Gln Ile Ser	
240	245 250 255
atg aaa gcc ctg ctg gac ccc ccg ctg gag ctc aac agt gac agg tcc	815
Met Lys Ala Leu Leu Asp Pro Pro Leu Glu Leu Asn Ser Asp Arg Ser	
260	265 270
tgc agc atc agc cct glg ctg gag gtc aag ctg agc aac ctg gag glg	865
Cys Ser Ile Ser Pro Val Leu Glu Val Lys Leu Ser Asn Leu Glu Val	
275	280 285
aaa acc tct atc atc ttg gag atg aaa gtg tca gcc gag ata aaa aat	911
Lys Thr Ser Ile Ile Leu Glu Met Lys Val Ser Ala Glu Ile Lys Asn	
290	295 300
gac ctt ttt agc aaa agc aca gtg ggc ctc cag tgc ctg agg agc gac	959
Asp Leu Phe Ser Lys Ser Thr Val Gly Leu Gln Cys Leu Arg Ser Asp	
305	310 315
tcg aag gaa ggg cca tat gtc tcc gtc ccg ctc aac tgc agc tgt ggg	1007
Ser Lys Glu Gly Pro Tyr Val Ser Val Pro Leu Asn Cys Ser Cys Gly	
320	325 330 335
gac acg gtc cag gca cag ctg cac aac ctg gag ccc tgt atg tac gtg	1055
Asp Thr Val Gln Ala Gln Leu His Asn Leu Glu Pro Cys Met Tyr Val	
340	345 350
gct gtc gtg gcc cat ggc cca agc atc ctc tac cct tcc acc gtg tgg	1103
Ala Val Val Ala His Gly Pro Ser Ile Leu Tyr Pro Ser Thr Val Trp	
355	360 365
gac ttc atc aat aaa aaa gtc aca gtg ggt ctc tac ggc cct aaa cac	1151
Asp Phe Ile Asn Lys Lys Val Thr Val Gly Leu Tyr Gly Pro Lys His	
370	375 380
atc cac cca tcc ttc aag acg gta gtg acc att ttt ggg cat gac tgt	1199
Ile His Pro Ser Phe Lys Thr Val Val Thr Ile Phe Gly His Asp Cys	
385	390 395

gcc cca aag acg ctc ctg gtc agc gag gtc aca cgc cag gca ccc aac 1247
 Ala Pro Lys Thr Leu Leu Val Ser Glu Val Thr Arg Gln Ala Pro Asn
 400 405 410 415
 cct gcc ccg gtg gcc ctg cag ctg tgg ggg aag cac cag ttc gtt ttg 1295
 Pro Ala Pro Val Ala Leu Gln Leu Trp Gly Lys His Gln Phe Val Leu
 420 425 430
 tcc agg ccc cag gat ctc aag gtc tgt atg ttt tcc aat atg acg aat 1343
 Ser Arg Pro Gln Asp Leu Lys Val Cys Met Phe Ser Asn Met Thr Asn
 435 440 445
 tac gag gtc aaa gcc agc gag cag gcc aaa gtg gtg cga gga ttc cag 1391
 Tyr Glu Val Lys Ala Ser Glu Gln Ala Lys Val Val Arg Gly Phe Gln
 450 455 460
 ctg aag ctg ggc aag gtg agc cgc ctg atc ttc ccc atc acc tcc cag 1439
 Leu Lys Leu Gly Lys Val Ser Arg Leu Ile Phe Pro Ile Thr Ser Gln
 465 470 475
 aac ccc aac gag ctc tct gac ttc acg ctg cgg gtt cag gtg aag gac 1487
 Asn Pro Asn Glu Leu Ser Asp Phe Thr Leu Arg Val Gln Val Lys Asp
 480 485 490 495
 gac cag gag gcc atc ctc acc cag ttt tgt gtc cag act cct cag cca 1535
 Asp Gln Glu Ala Ile Leu Thr Gln Phe Cys Val Gln Thr Pro Gln Pro
 500 505 510
 ccc cct aaa agt gcc atc aag cct tcc ggg caa agg agg ttt ctc aag 1583
 Pro Pro Lys Ser Ala Ile Lys Pro Ser Gly Gln Arg Arg Phe Leu Lys
 515 520 525
 aag aac gaa gtc ggg aaa atc atc ctg tcc ccg ttt gcc acc act aca 1631
 Lys Asn Glu Val Gly Lys Ile Ile Leu Ser Pro Phe Ala Thr Thr Thr
 530 535 540
 aag tac ccg act ttc cag gac cgc ccg gtg tcc agc ctc aag ttt ggt 1679
 Lys Tyr Pro Thr Phe Gln Asp Arg Pro Val Ser Ser Leu Lys Phe Gly

545	550	555	
aag ttg ctc aag act gtg gtg cgg cag aac aag aac cac tac ctg ctg			1727
Lys Leu Leu Lys Thr Val Val Arg Gln Asn Lys Asn His Tyr Leu Leu			
560	565	570	575
gag tac aag aag ggc pac ggg atc gcc ctg ctc agc gag gag cgg gtc			1775
Glu Tyr Lys Lys Gly Asp Gly Ile Ala Leu Leu Ser Glu Glu Arg Val			
	580	585	590
agg ctc cgg ggc cag ctg tgg acc aag gag tgg tac atc ggc tac tac			1823
Arg Leu Arg Gly Gln Leu Trp Thr Lys Glu Trp Tyr Ile Gly Tyr Tyr			
	595	600	605
cag ggc agg gtg ggc ctc gtg cac acc aag aac gtg ctg gtg gtc ggc			1871
Gln Gly Arg Val Gly Leu Val His Thr Lys Asn Val Leu Val Val Gly			
	610	615	620
agg gcc cgg ccc agc ctg tgc tgc ggc ccc gag ctg agc acc tcg gtg			1919
Arg Ala Arg Pro Ser Leu Cys Ser Gly Pro Glu Leu Ser Thr Ser Val			
	625	630	635
ctg ctg gag cag atc ctg cgg ccc tgc aaa ttc ctc acg tac atc tat			1967
Leu Leu Glu Gln Ile Leu Arg Pro Cys Lys Phe Leu Thr Tyr Ile Tyr			
640	645	650	655
gcc tcc gtg agg acc ctg ctc atg gag aac atc agc agc tgg cgc tcc			2015
Ala Ser Val Arg Thr Leu Leu Met Glu Asn Ile Ser Ser Trp Arg Ser			
	660	665	670
ttc gct gac gcc ctg ggc tac gtg aac ctg ccg ctc acc ttt ttc tgc			2063
Phe Ala Asp Ala Leu Gly Tyr Val Asn Leu Pro Leu Thr Phe Phe Cys			
	675	680	685
cgg gca gag ctg gat agt gag ccc gag cgg gtg gcg tcc gtc ctg gaa			2111
Arg Ala Glu Leu Asp Ser Glu Pro Glu Arg Val Ala Ser Val Leu Glu			
	690	695	700
aag ctg aag gag gac tgt aac aac act gag aac aaa gaa cgg aag tcc			2159

Lys	Leu	Lys	Glu	Asp	Cys	Asn	Asn	Thr	Glu	Asn	Lys	Glu	Arg	Lys	Ser	
705						710					715					
ttc	cag	aag	gag	ctt	gtg	atg	gcc	cta	ctg	aag	atg	gac	tgc	cag	ggc	2207
Phe	Gln	Lys	Glu	Leu	Val	Met	Ala	Leu	Leu	Lys	Met	Asp	Cys	Gln	Gly	
720					725					730				735		
ctc	gtg	gtc	agg	ctc	atc	cag	gac	gtg	ctc	ctg	acc	acc	gct	gta		2255
Leu	Val	Val	Arg	Leu	Ile	Gln	Asp	Phe	Val	Leu	Leu	Thr	Thr	Ala	Val	
				740					745					750		
gag	gtg	gcc	cag	cgc	tgg	cgg	gag	ctg	gct	gag	aag	ctg	gcc	aag	gtc	2303
Glu	Val	Ala	Gln	Arg	Trp	Arg	Glu	Leu	Ala	Glu	Lys	Leu	Ala	Lys	Val	
				755					760					765		
tcc	aag	cag	cag	atg	gac	gcc	tac	gag	tct	ccc	cac	cgg	gac	agg	aac	2351
Ser	Lys	Gln	Gln	Met	Asp	Ala	Tyr	Glu	Ser	Pro	His	Arg	Asp	Arg	Asn	
				770					775					780		
ggg	gtt	gtg	gac	agc	gag	gcc	atg	tgg	aag	cct	gcg	tat	gac	ttc	tta	2399
Gly	Val	Val	Asp	Ser	Glu	Ala	Met	Trp	Lys	Pro	Ala	Tyr	Asp	Phe	Leu	
				785					790					795		
ctc	acc	tgg	agc	cat	cag	atc	ggg	gac	agc	tac	cgg	gat	gtc	atc	cag	2447
Leu	Thr	Trp	Ser	His	Gln	Ile	Gly	Asp	Ser	Tyr	Arg	Asp	Val	Ile	Gln	
800					805					810				815		
gag	ctg	cac	ctg	ggc	ctg	gac	aag	atg	aaa	aac	ccc	atc	acc	aag	cgc	2495
Glu	Leu	His	Leu	Gly	Leu	Asp	Lys	Met	Lys	Asn	Pro	Ile	Thr	Lys	Arg	
				820					825					830		
tgg	aag	cac	ctc	act	ggg	act	ctg	atc	ttg	gtg	aac	tcc	ctg	gac	gtt	2543
Trp	Lys	His	Leu	Thr	Gly	Thr	Leu	Ile	Leu	Val	Asn	Ser	Leu	Asp	Val	
				835					840					845		
ctg	aga	gca	gcc	gcc	ttc	agc	cct	gcg	gac	cag	gac	gac	ttc	gtg	att	2591
Leu	Arg	Ala	Ala	Ala	Phe	Ser	Pro	Ala	Asp	Gln	Asp	Asp	Phe	Val	Ile	
				850					855					860		

特平 11-280976

tgaatgggtc cctcccctc ctgctgctct ggagtgaag cctcttctg ccctgcgtgc 2651
cctgctgtca ccgcggagct gaagaggag gaagggcg ctgctcagac agatttagg 2711
ccgcagct aggtacacc catcatgcgc cgccctcctc catcgaggga gaggcctgaa 2771
gggactgcct actgcagctc gttgccaac acatagcttt ctatttgta agtataaatt 2831
taaattttaa atcacttttt taacpaatgg ggggaaggga tctatgapa aggtggtatc 2891
taatttttt atggaccata aaggttttaa agaaaatagg ggcaagggt gttgaggtt 2951
ttatgttgtt atagaccttt ttaaattatg ttagagatgt atataggtat ttaaaggta 3011
ctgggagcat tctgattcc cgccacact ttgcattca acactcagcc cggaaagatg 3071
ctcgttcggt ttttggaact ctttcactcc ctgcgtgtaa gaagtgaat cacgtggaa 3131
aaagtggctt ttacgtaaac ggttacagct cttctttct gagaaggccc caggtcctgc 3191
tccctcctcg gatttgattg tcttccgtgc ttgcctcac tcgtagtaa tgaccatca 3251
tagaatatgt gaacttttg tgagcttcag tggcagagt gaagtcccgc attagcattt 3311
aggtcccctg agctgtttct gccaatagat tagaaagcag ccatgagtg acagtctta 3371
ggccccctgc cagtgtgcaa ttatgcattg acaagaaca tgccattga gagtgagtg 3431
gtccctcctg ctacaggcc attgtactgt ttttccctg aggtcaaagc agtgcctccc 3491
atagagtttg ctgcctcttc tgtggacagg aagaaaact catgaccga tcagagcctt 3551
tatgctgatg tgcagaggtg ccagctgcca ttgccaac tctgcattc attcatcta 3611
aggcttaacc cctcttcctt cctgggtgac ctgtgtctcc tcggaaggaa gtcattgtt 3731
agatgaaacc atttttgta caatgtaaag atcatctgag caagatgagc attttgtaa 3791
aatgaaaatg tgactcacat aaaacagga acttggcaca gttgtgcatt aataactta 3851
gggtgcagac atgctgtgtg aatctcaca tgcgtcgtag atgtcgtg ttggaaggga 3911
gcaggaggaa ggactgatac tggcaaatca gtagagttag gtgatccta gcaacgtgcc 3971
aggacacttc ctgtgtcctt gcagttgtca gggaccattt gggatcccga atctcattct 4031
ctaaaactgc tticttgaaa catgttactt ccttagtata atcaatgtat actccctac 4091
tggcctgaaa cgttgtatag ctacttattc agatactgaa gaccaacgga ctgaaaaaa 4151
gaacaaacat tagctatttt atgtgcaag aaccaggaca cacaattgc caatcatccc 4211
accatataac ctgcattgt gcttctcaac tccaccccat aatttctccc agatcatc 4271
tatcaccttt tcccaaaga agaaacaaa ccagttgcac cttaaacat ggatatttt 4331

tcctcagggg ctttaaataag tticctatgc aacgtgtcct gtagcacaaa taaaattcta 4391
 caaaagtgc agtaaatttt atttggatat tttaacctgt taagtgtgtg tgtgttttct 4451
 gtacccaacc agactttaaa taaaacaaac atgaaacct 4490

【 0 4 7 7 】

<210> 152

<211> 863

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 152

Met Gly Tyr Ile Pro Ser Ser Tyr Val Gln Pro Leu Asn Tyr Arg Asn

1 5 10 15

Ser Thr Leu Ser Asp Ser Gly Met Ile Asp Asn Leu Pro Asp Ser Pro

20 25 30

Asp Glu Val Ala Lys Glu Leu Glu Leu Leu Gly Gly Trp Thr Asp Asp

35 40 45

Lys Lys Val Pro Gly Arg Met Tyr Ser Asn Asn Pro Phe Trp Asn Gly

50 55 60

Val Gln Thr Asn Pro Phe Leu Asn Gly Asn Val Pro Val Met Pro Ser

65 70 75 80

Leu Asp Glu Leu Asn Pro Lys Ser Thr Val Asp Leu Leu Leu Phe Asp

85 90 95

Ala Gly Thr Ser Ser Phe Thr Glu Ser Ser Ser Ala Thr Thr Asn Ser

100 105 110

Thr Gly Asn Ile Phe Asp Glu Leu Pro Val Thr Asn Gly Leu His Ala

115 120 125

Glu Pro Pro Val Arg Arg Asp Asn Pro Phe Phe Arg Ser Lys Arg Ser

130 135 140

Tyr Ser Leu Ser Glu Leu Ser Val Leu Gln Ala Lys Ser Asp Ala Pro

145 150 155 160

Thr Ser Ser Ser Phe Phe Thr Gly Leu Lys Ser Pro Ala Pro Glu Gln
 165 170 175
 Phe Gln Ser Arg Glu Asp Phe Arg Thr Ala Trp Leu Asn His Arg Lys
 180 185 190
 Leu Ala Arg Ser Cys His Asp Leu Asp Leu Leu Gly Gln Ser Pro Gly
 195 200 205
 Trp Gly Gln Thr Gln Ala Val Glu Thr Asn Ile Val Cys Lys Leu Asp
 210 215 220
 Ser Ser Gly Gly Ala Val Gln Leu Pro Asp Thr Ser Ile Ser Ile His
 225 230 235 240
 Val Pro Glu Gly His Val Ala Pro Gly Glu Thr Gln Gln Ile Ser Met
 245 250 255
 Lys Ala Leu Leu Asp Pro Pro Leu Glu Leu Asn Ser Asp Arg Ser Cys
 260 265 270
 Ser Ile Ser Pro Val Leu Glu Val Lys Leu Ser Asn Leu Glu Val Lys
 275 280 285
 Thr Ser Ile Ile Leu Glu Met Lys Val Ser Ala Glu Ile Lys Asn Asp
 290 295 300
 Leu Phe Ser Lys Ser Thr Val Gly Leu Gln Cys Leu Arg Ser Asp Ser
 305 310 315 320
 Lys Glu Gly Pro Tyr Val Ser Val Pro Leu Asn Cys Ser Cys Gly Asp
 325 330 335
 Thr Val Gln Ala Gln Leu His Asn Leu Glu Pro Cys Met Tyr Val Ala
 340 345 350
 Val Val Ala His Gly Pro Ser Ile Leu Tyr Pro Ser Thr Val Trp Asp
 355 360 365
 Phe Ile Asn Lys Lys Val Thr Val Gly Leu Tyr Gly Pro Lys His Ile
 370 375 380
 His Pro Ser Phe Lys Thr Val Val Thr Ile Phe Gly His Asp Cys Ala

385	390	395	400
Pro Lys Thr Leu Leu Val Ser Glu Val Thr Arg Gln Ala Pro Asn Pro			
405	410	415	
Ala Pro Val Ala Leu Gln Leu Trp Gly Lys His Gln Phe Val Leu Ser			
420	425	430	
Arg Pro Gln Asp Leu Lys Val Cys Met Phe Ser Asn Met Thr Asn Tyr			
435	440	445	
Glu Val Lys Ala Ser Glu Gln Ala Lys Val Val Arg Gly Phe Gln Leu			
450	455	460	
Lys Leu Gly Lys Val Ser Arg Leu Ile Phe Pro Ile Thr Ser Gln Asn			
465	470	475	480
Pro Asn Glu Leu Ser Asp Phe Thr Leu Arg Val Gln Val Lys Asp Asp			
485	490	495	
Gln Glu Ala Ile Leu Thr Gln Phe Cys Val Gln Thr Pro Gln Pro Pro			
500	505	510	
Pro Lys Ser Ala Ile Lys Pro Ser Gly Gln Arg Arg Phe Leu Lys Lys			
515	520	525	
Asn Glu Val Gly Lys Ile Ile Leu Ser Pro Phe Ala Thr Thr Thr Lys			
530	535	540	
Tyr Pro Thr Phe Gln Asp Arg Pro Val Ser Ser Leu Lys Phe Gly Lys			
545	550	555	560
Leu Leu Lys Thr Val Val Arg Gln Asn Lys Asn His Tyr Leu Leu Glu			
565	570	575	
Tyr Lys Lys Gly Asp Gly Ile Ala Leu Leu Ser Glu Glu Arg Val Arg			
580	585	590	
Leu Arg Gly Gln Leu Trp Thr Lys Glu Trp Tyr Ile Gly Tyr Tyr Gln			
595	600	605	
Gly Arg Val Gly Leu Val His Thr Lys Asn Val Leu Val Val Gly Arg			
610	615	620	

Ala Arg Pro Ser Leu Cys Ser Gly Pro Glu Leu Ser Thr Ser Val Leu
625 630 635 640
Leu Glu Gln Ile Leu Arg Pro Cys Lys Phe Leu Thr Tyr Ile Tyr Ala
645 650 655
Ser Val Arg Thr Leu Leu Met Glu Asn Ile Ser Ser Trp Arg Ser Phe
660 665 670
Ala Asp Ala Leu Gly Tyr Val Asn Leu Pro Leu Thr Phe Phe Cys Arg
675 680 685
Ala Glu Leu Asp Ser Glu Pro Glu Arg Val Ala Ser Val Leu Glu Lys
690 695 700
Leu Lys Glu Asp Cys Asn Asn Thr Glu Asn Lys Glu Arg Lys Ser Phe
705 710 715 720
Gln Lys Glu Leu Val Met Ala Leu Leu Lys Met Asp Cys Gln Gly Leu
725 730 735
Val Val Arg Leu Ile Gln Asp Phe Val Leu Leu Thr Thr Ala Val Glu
740 745 750
Val Ala Gln Arg Trp Arg Glu Leu Ala Glu Lys Leu Ala Lys Val Ser
755 760 765
Lys Gln Gln Met Asp Ala Tyr Glu Ser Pro His Arg Asp Arg Asn Gly
770 775 780
Val Val Asp Ser Glu Ala Met Trp Lys Pro Ala Tyr Asp Phe Leu Leu
785 790 795 800
Thr Trp Ser His Gln Ile Gly Asp Ser Tyr Arg Asp Val Ile Gln Glu
805 810 815
Leu His Leu Gly Leu Asp Lys Met Lys Asn Pro Ile Thr Lys Arg Trp
820 825 830
Lys His Leu Thr Gly Thr Leu Ile Leu Val Asn Ser Leu Asp Val Leu
835 840 845
Arg Ala Ala Ala Phe Ser Pro Ala Asp Gln Asp Asp Phe Val Ile

850

855

860

【 0 4 7 8 】

<210> 153

<211> 2194

<212> DNA

<213> Homocysteine

<220>

<221> CDS

<222> (133)..(1125)

<400> 153

ggatgcggcgc tggatccctc agagggttcc tgctgctgcc ggtgccttgg accctccccc 60

tcgcttctcg ttctactgcc ccaggagccc ggcgggtccg ggactcccgt ccgtgccggt 120

gcgggcgccg gc atg tgg ctg tgg gag gac cag ggc ggc ctc ctg ggc cct 171

Met Trp Leu Trp Glu Asp Gln Gly Gly Leu Leu Gly Pro

1

5

10

ttc tcc ttc ctg ctg cta gtg ctg ctg ctg gtg acg cgg agc ccg gtc 219

Phe Ser Phe Leu Leu Leu Val Leu Leu Leu Val Thr Arg Ser Pro Val

15

20

25

aat gcc tgc ctc ctc acc ggc agc ctc ttc gtt cta ctg cgc gtc ttc 267

Asn Ala Cys Leu Leu Thr Gly Ser Leu Phe Val Leu Leu Arg Val Phe

30

35

40

45

agc ttt gag ccg gtg ccc tct tgc agg gcc ctg cag gtg ctc aag ccc 315

Ser Phe Glu Pro Val Pro Ser Cys Arg Ala Leu Gln Val Leu Lys Pro

50

55

60

cgg gac cgc att tct gcc atc gcc cac cgt ggc ggc agc cac gac gcg 363

Arg Asp Arg Ile Ser Ala Ile Ala His Arg Gly Gly Ser His Asp Ala

65

70

75

ccc gag aac acg ctg gcg gcc att cgg cag gca gct aag aat gga gca 411

Pro Glu Asn Thr Leu Ala Ala Ile Arg Gln Ala Ala Lys Asn Gly Ala

80	85	90	
aca ggc gtg gag ttg gac att gag ttt act tct gac ggg att cct gtc	459		
Thr Gly Val Glu Leu Asp Ile Glu Phe Thr Ser Asp Gly Ile Pro Val			
95	100	105	
tta atg cac gat aac aca gta gat agg acg act gat ggg act ggg cga	507		
Leu Met His Asp Asn Thr Val Asp Arg Thr Thr Asp Gly Thr Gly Arg			
110	115	120	125
ttg tgt gat ttg aca ttt gaa caa att agg aag ctg aat cct gca gca	555		
Leu Cys Asp Leu Thr Phe Glu Gln Ile Arg Lys Leu Asn Pro Ala Ala			
130	135	140	
aac cac aga ctc agg aat gat ttc cct gat gaa aag atc cct acc cta	603		
Asn His Arg Leu Arg Asn Asp Phe Pro Asp Glu Lys Ile Pro Thr Leu			
145	150	155	
agg gaa gct gtt gca gag tgc cta aac cat aac ctc aca atc ttc ttt	651		
Arg Glu Ala Val Ala Glu Cys Leu Asn His Asn Leu Thr Ile Phe Phe			
160	165	170	
gat gtc aaa ggc cat gca cac aag gct act gag gct cta aag aaa atg	699		
Asp Val Lys Gly His Ala His Lys Ala Thr Glu Ala Leu Lys Lys Met			
175	180	185	
tat atg gaa ttt cct caa ctg tat aat aat agt gtg gtc tgt tct ttc	747		
Tyr Met Glu Phe Pro Gln Leu Tyr Asn Asn Ser Val Val Cys Ser Phe			
190	195	200	205
ttg cca gaa gtt atc tac aag atg aga caa aca gat cgg gat gta ata	795		
Leu Pro Glu Val Ile Tyr Lys Met Arg Gln Thr Asp Arg Asp Val Ile			
210	215	220	
aca gca tta act cac aga cct tgg agc cta agc cat aca gga gat ggg	843		
Thr Ala Leu Thr His Arg Pro Trp Ser Leu Ser His Thr Gly Asp Gly			
225	230	235	
aaa cca cgc tat gat act ttc tgg aaa cat ttt ata ttt gtt atg atg	891		

Lys Pro Arg Tyr Asp Thr Phe Trp Lys His Phe Ile Phe Val Met Met
 240 245 250
 gac att ttg ctc gat tgg agc atg cat aat atc ttg tgg tac ctg tgt 939
 Asp Ile Leu Leu Asp Trp Ser Met His Asn Ile Leu Trp Tyr Leu Cys
 255 260 265
 gga att tca gct ttc ctc atg caa aag gat ttt gta tcc ccg gcc tac 987
 Gly Ile Ser Ala Phe Leu Met Gln Lys Asp Phe Val Ser Pro Ala Tyr
 270 275 280 285
 ttg aag aag tgg tca gct aaa gga atc cag gtt gtt ggt tgg act gtt 1035
 Leu Lys Lys Trp Ser Ala Lys Gly Ile Gln Val Val Gly Trp Thr Val
 290 295 300
 aat acc ttt gat gaa aag agt tac tac gaa tcc cat ctt ggt tcc agc 1083
 Asn Thr Phe Asp Glu Lys Ser Tyr Tyr Glu Ser His Leu Gly Ser Ser
 305 310 315
 tat atc act gac agc atg gta gaa gac tgc gaa cct cac ttc 1125
 Tyr Ile Thr Asp Ser Met Val Glu Asp Cys Glu Pro His Phe
 320 325 330
 tagactttca cgggtgggacg aaacgggttc agaaactgcc aggggcctca tacagggata 1185
 tcaaaatacc ctttgtgcta gcccaggccc tggggaatca ggtgactcac acaaatgcaa 1245
 tagttggtca ctgcattttt acctgaacca aagctaaacc cgggtgttgcc accatgcacc 1305
 atggcatgcc agagttcaac actgttgctc ttgaaaatct gggtctgaaa aaacgcacaa 1365
 gagcccctgc cctgccctag ctgaggcaca caggagagacc cagtgaggat aagcacagat 1425
 tgaattgtac agtttgcaga tgcagatgta aatgcatggg acatgcatga taactcagag 1485
 ttgacattttt aaaacttgcc acacttattt caaatatttg tactcagcta tgtaacatg 1545
 tactgtagac atcaaacttg tggccatact aataaaatta ttaaaaggag cactaaagga 1605
 aaactgtgtg ccaagcatca tatcctaagg catacggaat ttggggaagc caccatgcaa 1665
 tccagtgagg cttcagtgtg cagcaaccaa aatggtaggg aggtcttgaa gccaatgagg 1725
 gatttatagc atcttgaata gagagctgca aaccaccagg gggcagagtt gcatttttcc 1785
 aggcttttta ggaagctctg caacagatgt gatctgatca taggcaatta gaactggaag 1845

aaacttccaa aaatatctag gttgtcctc attttacaaa tgaggaaact aaactctgtg 1905
 gaagggaagg ggttgcctca aaagtcacag cttagctggg cacagtggct catgccgata 1965
 atcccagcaa ttcagaaagc tgaggcagga ggattacttg aggccagact gggcaatata 2025
 gcaagacccc atctctaaaa aattagcat ggtggtgcat gcctgtattc ccagctactic 2085
 aggaggttga ggtgggagga tcacttgagc ccagaagttc aaggctgcaa tgagccatga 2145
 ttacaccacg gcactacaac ctgggtggca cagtgagaac ctgactctt 2194

【 0 4 7 9 】

<210> 154

<211> 331

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 154

Met Trp Leu Trp Glu Asp Gln Gly Gly Leu Leu Gly Pro Phe Ser Phe

1 5 10 15

Leu Leu Leu Val Leu Leu Leu Val Thr Arg Ser Pro Val Asn Ala Cys

20 25 30

Leu Leu Thr Gly Ser Leu Phe Val Leu Leu Arg Val Phe Ser Phe Glu

35 40 45

Pro Val Pro Ser Cys Arg Ala Leu Gln Val Leu Lys Pro Arg Asp Arg

50 55 60

Ile Ser Ala Ile Ala His Arg Gly Gly Ser His Asp Ala Pro Glu Asn

65 70 75 80

Thr Leu Ala Ala Ile Arg Gln Ala Ala Lys Asn Gly Ala Thr Gly Val

85 90 95

Glu Leu Asp Ile Glu Phe Thr Ser Asp Gly Ile Pro Val Leu Met His

100 105 110

Asp Asn Thr Val Asp Arg Thr Thr Asp Gly Thr Gly Arg Leu Cys Asp

115 120 125

Leu Thr Phe Glu Gln Ile Arg Lys Leu Asn Pro Ala Ala Asn His Arg

130	135	140	
Leu Arg Asn Asp Phe Pro Asp Glu Lys Ile Pro Thr Leu Arg Glu Ala			
145	150	155	160
Val Ala Glu Cys Leu Asn His Asn Leu Thr Ile Phe Phe Asp Val Lys			
	165	170	175
Gly His Ala His Lys Ala Thr Glu Ala Leu Lys Lys Met Tyr Met Glu			
	180	185	190
Phe Pro Gln Leu Tyr Asn Asn Ser Val Val Cys Ser Phe Leu Pro Glu			
	195	200	205
Val Ile Tyr Lys Met Arg Gln Thr Asp Arg Asp Val Ile Thr Ala Leu			
	210	215	220
Thr His Arg Pro Trp Ser Leu Ser His Thr Gly Asp Gly Lys Pro Arg			
225	230	235	240
Tyr Asp Thr Phe Trp Lys His Phe Ile Phe Val Met Met Asp Ile Leu			
	245	250	255
Leu Asp Trp Ser Met His Asn Ile Leu Trp Tyr Leu Cys Gly Ile Ser			
	260	265	270
Ala Phe Leu Met Gln Lys Asp Phe Val Ser Pro Ala Tyr Leu Lys Lys			
	275	280	285
Trp Ser Ala Lys Gly Ile Gln Val Val Gly Trp Thr Val Asn Thr Phe			
	290	295	300
Asp Glu Lys Ser Tyr Tyr Glu Ser His Leu Gly Ser Ser Tyr Ile Thr			
305	310	315	320
Asp Ser Met Val Glu Asp Cys Glu Pro His Phe			

325

330

【0 4 8 0】

<210> 155

<211> 3377

<212> DNA

<213> Homo sapiens

<220>

<221> CDS

<222> (44)..(1666)

<400> 155

```

gccctcgcac cccctacigct tctgccttga aggcggaggc tcc atg ttg tcc cct 55
                                     Met Leu Ser Pro
                                     1
cag cga gtg gga gca gct gcc tca aga gga gca gat gat gcc atg gag 103
Gln Arg Val Gly Ala Ala Ala Ser Arg Gly Ala Asp Asp Ala Met Glu
    5             10             15             20
agc agc aag cct ggt cca gtg cag gtt gtt ttg gtt cag aaa gat caa 151
Ser Ser Lys Pro Gly Pro Val Gln Val Val Leu Val Gln Lys Asp Gln
                25             30             35
cat tcc ttt gag cta gat gag aaa gcc ttg gcc agc atc ctc ttg cag 199
His Ser Phe Glu Leu Asp Glu Lys Ala Leu Ala Ser Ile Leu Leu Gln
                40             45             50
gac cac atc cga gat ctt gat gtg gtg gtg gtt tca gtg gct ggt gcc 247
Asp His Ile Arg Asp Leu Asp Val Val Val Val Ser Val Ala Gly Ala
                55             60             65
ttc cga aag ggc aag tcc ttc att ctg gat ttt atg cta cga tac tta 295
Phe Arg Lys Gly Lys Ser Phe Ile Leu Asp Phe Met Leu Arg Tyr Leu
                70             75             80
tat tct cag aag gaa agt ggc cat tca aat tgg ttg ggt gac cca gaa 343
Tyr Ser Gln Lys Glu Ser Gly His Ser Asn Trp Leu Gly Asp Pro Glu
                85             90             95             100
gaa ccg tta aca gga ttt tcc tgg aga ggg gga tct gat cca gaa acc 391
Glu Pro Leu Thr Gly Phe Ser Trp Arg Gly Gly Ser Asp Pro Glu Thr
                105             110             115

```

act ggg att caa atc tgg agt gaa gtt ttc act gtg gag aag cca ggt 439
 Thr Gly Ile Gln Ile Trp Ser Glu Val Phe Thr Val Glu Lys Pro Gly
 120 125 130
 ggg aag aag gtt gca gtt gtt ctg atg gat acc cag ggg gca ttt gac 487
 Gly Lys Lys Val Ala Val Val Leu Met Asp Thr Gln Gly Ala Phe Asp
 135 140 145
 agc cag tca act gtg aaa gac tgt gct acc atc ttt gct cta agc act 535
 Ser Gln Ser Thr Val Lys Asp Cys Ala Thr Ile Phe Ala Leu Ser Thr
 150 155 160
 atg act agt tct gtt cag att tat aat tta tct cag aac att caa gaa 583
 Met Thr Ser Ser Val Gln Ile Tyr Asn Leu Ser Gln Asn Ile Gln Glu
 165 170 175 180
 gat gat ctt caa cag ctg cag ctc ttc aca gaa tac ggt cgt ctg gca 631
 Asp Asp Leu Gln Gln Leu Gln Leu Phe Thr Glu Tyr Gly Arg Leu Ala
 185 190 195
 atg gat gaa att ttc caa aag cct ttc cag aca ctg atg ttt ttg gtt 679
 Met Asp Glu Ile Phe Gln Lys Pro Phe Gln Thr Leu Met Phe Leu Val
 200 205 210
 aga gat tgg agt ttc cct tat gaa tat agc tat gga ctc caa gga gga 727
 Arg Asp Trp Ser Phe Pro Tyr Glu Tyr Ser Tyr Gly Leu Gln Gly Gly
 215 220 225
 atg gca ttt ttg gat aag cgt tta cag gtg aag gaa cat caa cat gaa 775
 Met Ala Phe Leu Asp Lys Arg Leu Gln Val Lys Glu His Gln His Glu
 230 235 240
 gaa att cag aat gtt cga aat cac att cac tca tgt ttc tcc gat gtc 823
 Glu Ile Gln Asn Val Arg Asn His Ile His Ser Cys Phe Ser Asp Val
 245 250 255 260
 acc tgc ttt ctc tta cca cat cca gga ctc cag gtg gcc aca agc cct 871
 Thr Cys Phe Leu Leu Pro His Pro Gly Leu Gln Val Ala Thr Ser Pro

265	270	275	
gac ttt gat ggg aaa tta aaa gat att gct ggt gaa ttc aaa gag cag			919
Asp Phe Asp Gly Lys Leu Lys Asp Ile Ala Gly Glu Phe Lys Glu Gln			
280	285	290	
tta cag gca ctg ata ccg tat gta tta aac cca tct aag tta atg gaa			967
Leu Gln Ala Leu Ile Pro Tyr Val Leu Asn Pro Ser Lys Leu Met Glu			
295	300	305	
aag gag atc aat ggc tca aag gtc acc tgt cgg gga cta ctg gag tat			1015
Lys Glu Ile Asn Gly Ser Lys Val Thr Cys Arg Gly Leu Leu Glu Tyr			
310	315	320	
ttt aag gca tat att aaa att tat caa gga gaa gat ctg cct cac ccc			1063
Phe Lys Ala Tyr Ile Lys Ile Tyr Gln Gly Glu Asp Leu Pro His Pro			
325	330	335	340
aag tcc atg ctt cag gcc act gct gaa gcc aac aac tta gca gct gca			1111
Lys Ser Met Leu Gln Ala Thr Ala Glu Ala Asn Asn Leu Ala Ala Ala			
345	350	355	
gcc tct gcc aag gac att tat tat aac aac atg gaa gag gtt tgt ggg			1159
Ala Ser Ala Lys Asp Ile Tyr Tyr Asn Asn Met Glu Glu Val Cys Gly			
360	365	370	
gga gag aaa cct tat ttg tct cca gac att cta gag gag aag cac tgt			1207
Gly Glu Lys Pro Tyr Leu Ser Pro Asp Ile Leu Glu Glu Lys His Cys			
375	380	385	
gaa ttc aaa caa ctt gct ctg gac cat ttt aag aag acc aag aag atg			1255
Glu Phe Lys Gln Leu Ala Leu Asp His Phe Lys Lys Thr Lys Lys Met			
390	395	400	
ggt ggg aag gat ttc agc ttt cgt tac cag cag gag ctg gag gag gaa			1303
Gly Gly Lys Asp Phe Ser Phe Arg Tyr Gln Gln Glu Leu Glu Glu Glu			
405	410	415	420
atc aag gaa tta tat gag aac ttc tgc aag cac aat ggt agc aag aac			1351

Ile Lys Glu Leu Tyr Glu Asn Phe Cys Lys His Asn Gly Ser Lys Asn
425 430 435
gtc ttc agc acc ttc cga acc cct gca gtg ctg ttc acg ggc att gta 1399
Val Phe Ser Thr Phe Arg Thr Pro Ala Val Leu Phe Thr Gly Ile Val
440 445 450
gct ttg tac ata gcc tca ggc ctc act ggc ttc ata ggc ctt gag gtt 1447
Ala Leu Tyr Ile Ala Ser Gly Leu Thr Gly Phe Ile Gly Leu Glu Val
455 460 465
gta gcc cag ttg ttc aac tgt atg gtt gga cta ctg tta ata gca ctc 1495
Val Ala Gln Leu Phe Asn Cys Met Val Gly Leu Leu Leu Ile Ala Leu
470 475 480
ctc acc tgg ggc tac atc agg tat tct ggt caa tat cgt gag ctg ggc 1543
Leu Thr Trp Gly Tyr Ile Arg Tyr Ser Gly Gln Tyr Arg Glu Leu Gly
485 490 495 500
gga gct att gat ttt ggt gcc gca tat gtg ttg gag cag gct tct tct 1591
Gly Ala Ile Asp Phe Gly Ala Ala Tyr Val Leu Glu Gln Ala Ser Ser
505 510 515
cat atc ggt aat tcc act cag gcc act gtg agg gat gca gtt gtt gga 1639
His Ile Gly Asn Ser Thr Gln Ala Thr Val Arg Asp Ala Val Val Gly
520 525 530
aga cca tcc atg gat aaa aaa gct caa tagcatctta acgtgaagat 1686
Arg Pro Ser Met Asp Lys Lys Ala Gln
535 540
caaacaagaa cacaacaagc cctactgat ttctgggttt ctgccacggc cacaggttca 1746
tatccagagg aatggcagat ctgagacgat ccaggaagag ctaaaacatg gccctgtaat 1806
aaatgagcag acctctcctg tggtttcaaa ttattaaaca cacttccatt tctcttggaa 1866
gcatttcttt tccttgctgt tatagatgca agcctgtgtc tattttcata ttactctgct 1926
ttgtgcactt tatggaggag gaagctagag gaaaaatgga aatgcagctt ttaagttctt 1986
tatgtgccac ttagtgcctt ttaagattga ttccatggtt ttgcacacac gatggggagg 2046

ggatggagga taacctcatg aaaggigcca ttttcgggtg aaacttgaca tttcttttat 2106
 actttacttt tgagaaggat tctttttttt ttgagttgga gtctcgctct gtcaccaggc 2166
 ttgagtgcag tgggtgtgac ttggctcact gcaacctctg cctgccgggt tcaagcagtt 2226
 ctctgcctc agcctcccaa gtagctggga ctacaggtgt acgccaccat acccagctaa 2286
 tttttttgt tttttagtag agatggggtt tcaccatgtt gccaggtat gtcttggct 2346
 ctlgacctlg tgalccgcc tggccgcttg gccctccaaa gtgctgggat tacaggcgtg 2406
 agccaccgtg cccggccaag aaggattcct tttttaaag ttacagAAC ttggagAAC 2466
 ttcagaacta aagactaact gaaaatgatg tcattacact caaaaaaat ttacaatagg 2526
 gaatcctgtt gccacatagt gtggaaaaat catgtcatat ttaaataac catactctga 2586
 aatgtgaggt ttttaccag taggtgaca gttttgtgc aacttgctct atttttttt 2646
 ttttttggtc cctatagctt ctttctagaa aaagaggcaa acgtgccttg aaaagccaga 2706
 gtggctcata ataaaaggaa tgcgctagat acttcaagaa aaaagctaag tttaatgaa 2766
 ccatgtgacc tctgataagt cacttgaact tgtgccttag tcaggttcac ttaggttta 2826
 catatgtatg tatgttttac acaactcttg taattgtcat ttgaggggtt cacttcctcc 2886
 tcccccccc tgggagcggc cctgcgctgt cactgacatc tcattaaaaa aaaaaaaaaa 2946
 ttgctctca aggtgtttga ggctttaatg caacccttta gcccttggtt ctttttggtg 3006
 caagaattct ggctgtttac ctgagactca gaccctgaa atgttgccaa attcttcaaa 3066
 taactgtttg gggggtgggg ggagatgaaa gagagtcgcg tttgttttac agttaaagac 3126
 atccaatatc ttaaaaagga gttttccttt agaaacacac acacccttcc tcttgctcaa 3186
 aagatctcac tccatgatac tgtgtaaaat attttgcac tgttgtgaag tatttttgac 3246
 tttttctgt acataactgt gtctcagag ctgaatgttt atatctttg ctgtgcaaaa 3306
 gaaacatgta aaatgttggt cagttgtata tacagaaatg tgtataaac attttgttat 3366
 tttttaaag t 3377

【 0 4 8 1 】

<210> 156

<211> 541

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 156

Met Leu Ser Pro Gln Arg Val Gly Ala Ala Ala Ser Arg Gly Ala Asp
 1 5 10 15
 Asp Ala Met Glu Ser Ser Lys Pro Gly Pro Val Gln Val Val Leu Val
 20 25 30
 Gln Lys Asp Gln His Ser Phe Glu Leu Asp Glu Lys Ala Leu Ala Ser
 35 40 45
 Ile Leu Leu Gln Asp His Ile Arg Asp Leu Asp Val Val Val Val Ser
 50 55 60
 Val Ala Gly Ala Phe Arg Lys Gly Lys Ser Phe Ile Leu Asp Phe Met
 65 70 75 80
 Leu Arg Tyr Leu Tyr Ser Gln Lys Glu Ser Gly His Ser Asn Trp Leu
 85 90 95
 Gly Asp Pro Glu Glu Pro Leu Thr Gly Phe Ser Trp Arg Gly Gly Ser
 100 105 110
 Asp Pro Glu Thr Thr Gly Ile Gln Ile Trp Ser Glu Val Phe Thr Val
 115 120 125
 Glu Lys Pro Gly Gly Lys Lys Val Ala Val Val Leu Met Asp Thr Gln
 130 135 140
 Gly Ala Phe Asp Ser Gln Ser Thr Val Lys Asp Cys Ala Thr Ile Phe
 145 150 155 160
 Ala Leu Ser Thr Met Thr Ser Ser Val Gln Ile Tyr Asn Leu Ser Gln
 165 170 175
 Asn Ile Gln Glu Asp Asp Leu Gln Gln Leu Gln Leu Phe Thr Glu Tyr
 180 185 190
 Gly Arg Leu Ala Met Asp Glu Ile Phe Gln Lys Pro Phe Gln Thr Leu
 195 200 205
 Met Phe Leu Val Arg Asp Trp Ser Phe Pro Tyr Glu Tyr Ser Tyr Gly
 210 215 220
 Leu Gln Gly Gly Met Ala Phe Leu Asp Lys Arg Leu Gln Val Lys Glu

225	230	235	240
His Gln His Glu Glu Ile Gln Asn Val Arg Asn His Ile His Ser Cys			
245	250	255	
Phe Ser Asp Val Thr Cys Phe Leu Leu Pro His Pro Gly Leu Gln Val			
260	265	270	
Ala Thr Ser Pro Asp Phe Asp Gly Lys Leu Lys Asp Ile Ala Gly Glu			
275	280	285	
Phe Lys Glu Gln Leu Gln Ala Leu Ile Pro Tyr Val Leu Asn Pro Ser			
290	295	300	
Lys Leu Met Glu Lys Glu Ile Asn Gly Ser Lys Val Thr Cys Arg Gly			
305	310	315	320
Leu Leu Glu Tyr Phe Lys Ala Tyr Ile Lys Ile Tyr Gln Gly Glu Asp			
325	330	335	
Leu Pro His Pro Lys Ser Met Leu Gln Ala Thr Ala Glu Ala Asn Asn			
340	345	350	
Leu Ala Ala Ala Ala Ser Ala Lys Asp Ile Tyr Tyr Asn Asn Met Glu			
355	360	365	
Glu Val Cys Gly Gly Glu Lys Pro Tyr Leu Ser Pro Asp Ile Leu Glu			
370	375	380	
Glu Lys His Cys Glu Phe Lys Gln Leu Ala Leu Asp His Phe Lys Lys			
385	390	395	400
Thr Lys Lys Met Gly Gly Lys Asp Phe Ser Phe Arg Tyr Gln Gln Glu			
405	410	415	
Leu Glu Glu Glu Ile Lys Glu Leu Tyr Glu Asn Phe Cys Lys His Asn			
420	425	430	
Gly Ser Lys Asn Val Phe Ser Thr Phe Arg Thr Pro Ala Val Leu Phe			
435	440	445	
Thr Gly Ile Val Ala Leu Tyr Ile Ala Ser Gly Leu Thr Gly Phe Ile			
450	455	460	

Gly Leu Glu Val Val Ala Gln Leu Phe Asn Cys Met Val Gly Leu Leu
 465 470 475 480
 Leu Ile Ala Leu Leu Thr Trp Gly Tyr Ile Arg Tyr Ser Gly Gln Tyr
 485 490 495
 Arg Glu Leu Gly Gly Ala Ile Asp Phe Gly Ala Ala Tyr Val Leu Glu
 500 505 510
 Gln Ala Ser Ser His Ile Gly Asn Ser Thr Gln Ala Thr Val Arg Asp
 515 520 525
 Ala Val Val Gly Arg Pro Ser Met Asp Lys Lys Ala Gln
 530 535 540

【 0 4 8 2 】

<210> 157
 <211> 2172
 <212> DNA
 <213> Homo sapiens
 <220>
 <221> CDS
 <222> (45)..(563)
 <400> 157

ggaacacggc acccgcaactg cgcgtcatgg tgcaggcctg gtat atg gac gac gcc 56
 Met Asp Asp Ala
 1
 ccg ggc gac ccg cgg caa ccc cac cgc ccc gac ccc ggc cgc cca gtg 104
 Pro Gly Asp Pro Arg Gln Pro His Arg Pro Asp Pro Gly Arg Pro Val
 5 10 15 20
 ggc ctg gag cag ctg cgg cgg ctc ggg gtg ctc tac tgg aag ctg gat 152
 Gly Leu Glu Gln Leu Arg Arg Leu Gly Val Leu Tyr Trp Lys Leu Asp
 25 30 35
 gct gac aaa tat gag aat gat cca gaa tta gaa aag atc cga aga gag 200

Ala Asp Lys Tyr Glu Asn Asp Pro Glu Leu Glu Lys Ile Arg Arg Glu
40 45 50
agg aac tac tcc tgg atg gac atc ata acc ata tgc aaa gat aaa cta 248
Arg Asn Tyr Ser Trp Met Asp Ile Ile Thr Ile Cys Lys Asp Lys Leu
55 60 65
cca aat tat gaa gaa aag att aag atg ttc tac gag gag cat ttg cac 296
Pro Asn Tyr Glu Glu Lys Ile Lys Met Phe Tyr Glu Glu His Leu His
70 75 80
ttg gac gat gag atc cgc tac atc ctg gat ggc agt ggg tac ttc gat 344
Leu Asp Asp Glu Ile Arg Tyr Ile Leu Asp Gly Ser Gly Tyr Phe Asp
85 90 95 100
gtg agg gac aag gag gac cag tgg atc cgg atc ttc atg gag aag gga 392
Val Arg Asp Lys Glu Asp Gln Trp Ile Arg Ile Phe Met Glu Lys Gly
105 110 115
gac atg gtg acg ctc ccc gcg ggg atc tat cac cgc ttc acg gtg gac 440
Asp Met Val Thr Leu Pro Ala Gly Ile Tyr His Arg Phe Thr Val Asp
120 125 130
gag aag aac tac acg aag gcc atg cgg ctg ttt gtg gga gaa ccg gtg 488
Glu Lys Asn Tyr Thr Lys Ala Met Arg Leu Phe Val Gly Glu Pro Val
135 140 145
tgg aca gcg tac aac cgg ccc gct gac cat ttt gaa gcc cgc ggg cag 536
Trp Thr Ala Tyr Asn Arg Pro Ala Asp His Phe Glu Ala Arg Gly Gln
150 155 160
tac gtg aaa ttt ctg gca cag acc gcc tagcagtgt gcctgggaac 583
Tyr Val Lys Phe Leu Ala Gln Thr Ala
165 170
taacacgtgc ctgtaaagg tcccaatgt aatgactgag cagaaaatca atcactttct 643
ctttgctttt agaggatagc cttgaggcta gattatcttt cctttgtaag attatttgat 703
cagaatattt tgtaatgaaa ggatctagaa agcaacttgg aagtgtaaag agtcaccttc 763

attttctgta actcaatcaa gactgggtggg tccatggccc tgtgttagtt catgcattca 823
 gttgagtccc aaatgaaagt ttcattctccc gaaatgcagt tccttagatg cccatctgga 883
 cgtgatgccg cgcctgccgt gtaagaaggt gcaatcctag ataacacagc tagccagata 943
 gaagacactt ttttctccaa aatgatgcct tgggggtggg agtggtaggg ggaagagctc 1003
 ccaccctaag gggcacacac tgagttgctt atgccacttc cttgttcaaa ataaagtaac 1063
 tgccttaaac ttatactcat ggcttggagt taccctatata tcaggtatata gtgatatttt 1123
 gcctggtttg ttaaaattgc cccatttaga ttccttctat aattgttctt atagataagt 1183
 aatttatata tgagctgtgt tagtatattt tcagtgtgag atctctggat tctttcacia 1243
 taaagctgtt gaattttaac aggagtatta gtacataaat tttctactca acaattccga 1303
 gataggatta tgcctagttt gtcatacac agaaaaactc caagttaact tcatgttttg 1363
 gaagggcagg tcgtttttaa agtatttctt tttttaactg gatgaaaaat cttcatgtta 1423
 ggattaattt tcttaatcac ctccacactg tacagaggaa actcaagcct taaatgttta 1483
 agtaaactct gtctcagttt taggattaaa ataccaccg gtggtgtgat gatgccatat 1543
 accgcagggc ttgcttctgt caagtgtgac tctatctcag taattaaaat aagtgtgat 1603
 ctactgattt tttttaatgg attcatttct aaatgggcat tataaataga gcttgttcat 1663
 ttttaagaac gaaacattca tatgataaac tatcgcttta aattgccttt cttgcttcat 1723
 ataacttttc cctgtcagga tccttagtgt ttgaaactcc tcgtgcgggg ctggcctcct 1783
 gcggactcta gtttcgcctc cttgatgtgg cgcctgggat ttcttcactt cagagctgta 1843
 tttttacagg caagagtaag ttcctgggca cagtggctca tgcctgtaat ctcagctact 1903
 caggaggcta aggtgggagg attcttagag cctgggaggt cgaggctgca gtgagctgtg 1963
 attgtggcca ctgcactcca gcctgggtga cagagcgaga ctctgtctca aaaaagaaga 2023
 aagagtaaga gctgaggcat ataatagaat tctgctaaag cacttaaggt gaaatcacat 2083
 tttcttttcc caggatgttg ctcacatctt tcgtttttat tgagggtgta tttatgtaca 2143
 ataaaatgta ctcatcttca gtgtttttg 2172

【 0 4 8 3 】

<210> 158

<211> 173

<212> PRT

<213> Homo sapiens

<400> 158

Met	Asp	Asp	Ala	Pro	Gly	Asp	Pro	Arg	Gln	Pro	His	Arg	Pro	Asp	Pro
1				5					10					15	
Gly	Arg	Pro	Val	Gly	Leu	Glu	Gln	Leu	Arg	Arg	Leu	Gly	Val	Leu	Tyr
				20				25						30	
Trp	Lys	Leu	Asp	Ala	Asp	Lys	Tyr	Glu	Asn	Asp	Pro	Glu	Leu	Glu	Lys
				35				40						45	
Ile	Arg	Arg	Glu	Arg	Asn	Tyr	Ser	Trp	Met	Asp	Ile	Ile	Thr	Ile	Cys
				50				55						60	
Lys	Asp	Lys	Leu	Pro	Asn	Tyr	Glu	Glu	Lys	Ile	Lys	Met	Phe	Tyr	Glu
				65				70						75	
Glu	His	Leu	His	Leu	Asp	Asp	Glu	Ile	Arg	Tyr	Ile	Leu	Asp	Gly	Ser
				85				90						95	
Gly	Tyr	Phe	Asp	Val	Arg	Asp	Lys	Glu	Asp	Gln	Trp	Ile	Arg	Ile	Phe
				100				105						110	
Met	Glu	Lys	Gly	Asp	Met	Val	Thr	Leu	Pro	Ala	Gly	Ile	Tyr	His	Arg
				115				120						125	
Phe	Thr	Val	Asp	Glu	Lys	Asn	Tyr	Thr	Lys	Ala	Met	Arg	Leu	Phe	Val
				130				135						140	
Gly	Glu	Pro	Val	Trp	Thr	Ala	Tyr	Asn	Arg	Pro	Ala	Asp	His	Phe	Glu
				145				150						155	
Ala	Arg	Gly	Gln	Tyr	Val	Lys	Phe	Leu	Ala	Gln	Thr	Ala			
				165				170							

【 0 4 8 4 】

<210> 159

<211> 20

<212> DNA

<400> 159

ggaagtgtta cttctgctct

20

【0485】

<210> 160

<211> 50

<212> DNA

<400> 160

gagagagaga gagagagaga actagtctcg agtttttttt tttttttttt

50

【0486】

<210> 161

<211> 41

<212> DNA

<400> 161

gagagagaga gagagagcgg ccgcactagt cccccccccc c

41

【図面の簡単な説明】

【図1】この図はずり応力刺激により発現上昇を示す遺伝子のノーザン解析の結果である。パネル1～41はそれぞれ、A4RS-016、-026、-040、-041、-063、-096、-116、-126、-131、-148、-154、-174、-175、-194、-197、-260、-271、-307、-355、-389、-391、-423、-431、-453、-492、-507、-514、-523、-544、-547、-557、-577、-588、-602、-608、-612、-625、-666、-668、-674、-682についてのずり応力依存的発現上昇を示す。それぞれのプロットにおいて、左側のレーンにはずり応力を負荷していない（刺激時間0時間）HUVEC由来の全RNAを4 μ g、右側のレーンにはずり応力を負荷したHUVEC由来の全RNA（刺激時間0.5、1、1.5、2、3、4、6、10、20時間の全RNAを等量ずつ混合したもの）を4 μ g泳動した。

【図2】この図はずり応力刺激により発現上昇を示す遺伝子のノーザン解析

の結果である。パネル42～83はそれぞれ、A4RS-751、-781、-784、-817、-818、-914、-929、-935、-938、-939、-945、-947、-948、-949、-011、-115、-143、-171、-193、-280、-402、-533、-604、-615、-619、-626、-676、-679、-727、-780、-826、-916、-933、-943、-002、-049、-230、-239、-242、-491、-578、-829についてのずり応力依存的発現上昇を示す。それぞれのプロットにおいて、左側のレーンにはずり応力を負荷していない（刺激時間0時間）H U V E C由来の全RNAを4 μ g、右側のレーンにはずり応力を負荷したH U V E C由来の全RNA（刺激時間0.5、1、1.5、2、3、4、6、10、20時間の全RNAを等量ずつ混合したもの）を4 μ g泳動した。

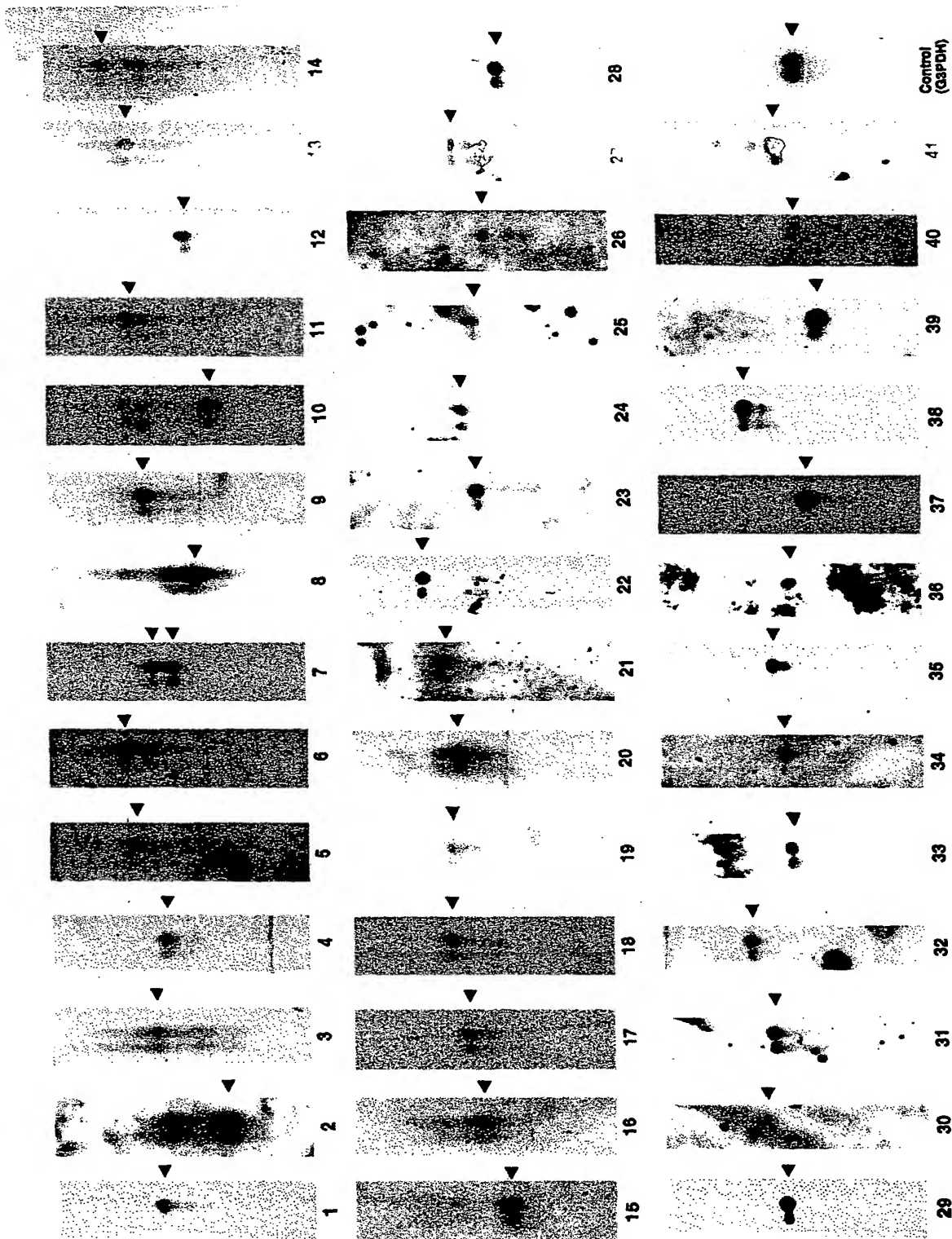
【図3】この図は、ずり応力刺激により発現する遺伝子の発現の経時的変化を示すノーザンブロッティングによる解析結果である。パネル1～17はそれぞれA4RS-016、-041、-063、-096、-116、-197、-271、-307、-389、-391、-602、-784、-115、-143、-193、-280、-402についてのずり応力依存的発現上昇を示す。それぞれのプロットにおいて左から、ずり応力負荷時間0、0.5、1、1.5、2、3、4、6、10、20時間のH U V E C由来の全RNAを4 μ g泳動した。

【図4】この図は、ずり応力刺激により発現する遺伝子の発現の経時的変化を示すノーザンブロッティングによる解析結果である。パネル18～28はそれぞれA4RS-604、-626、-916、-002、-049、-230、-239、-242、-491、-578、-829についてのずり応力依存的発現上昇を示す。それぞれのプロットにおいて左から、ずり応力負荷時間0、0.5、1、1.5、2、3、4、6、10、20時間のH U V E C由来の全RNAを4 μ g泳動した。

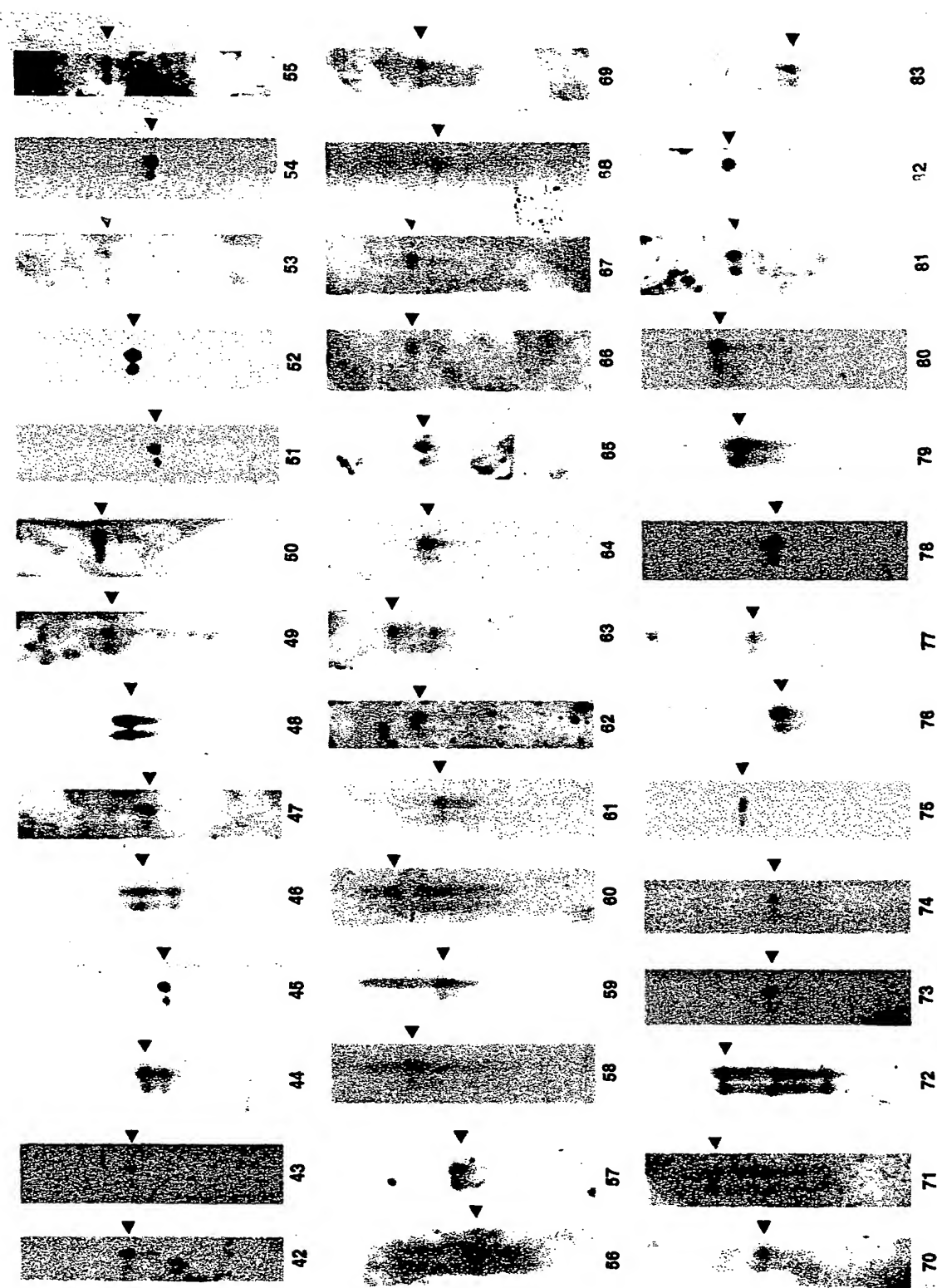
【図5】この図は、動物細胞発現用プラスミドpAMo-002の構築を示す。

【書類名】 図面

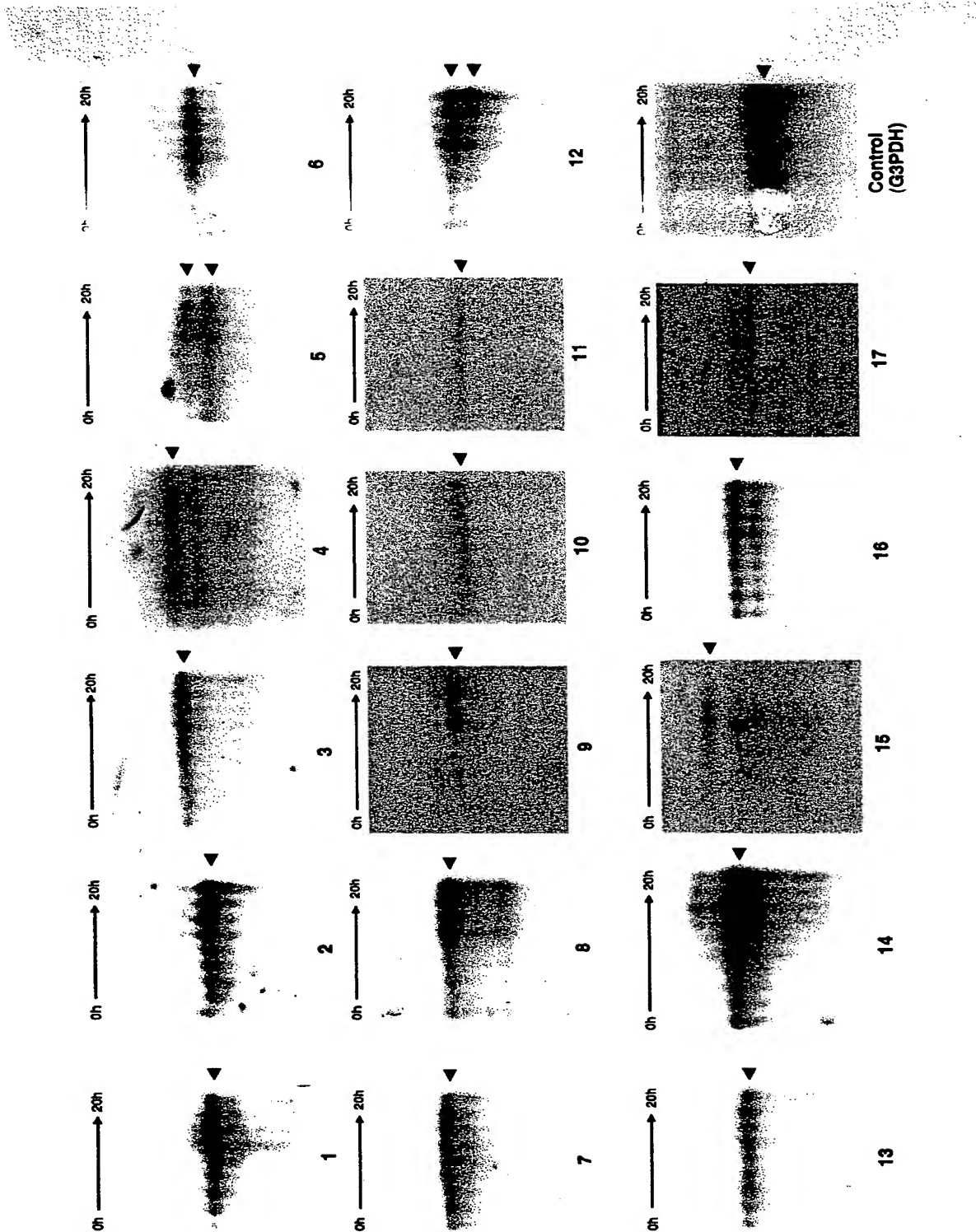
【図 1】



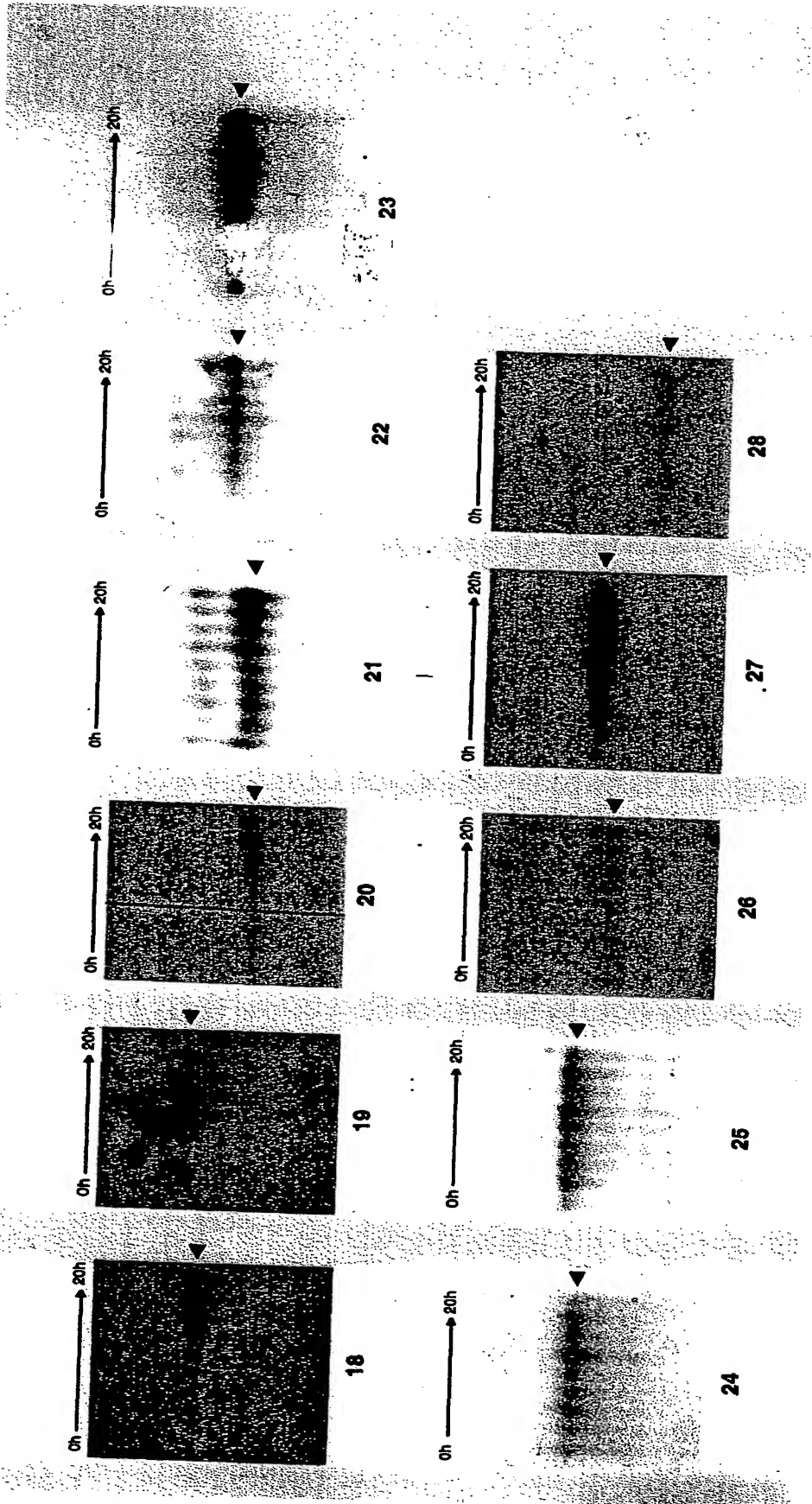
【図2】



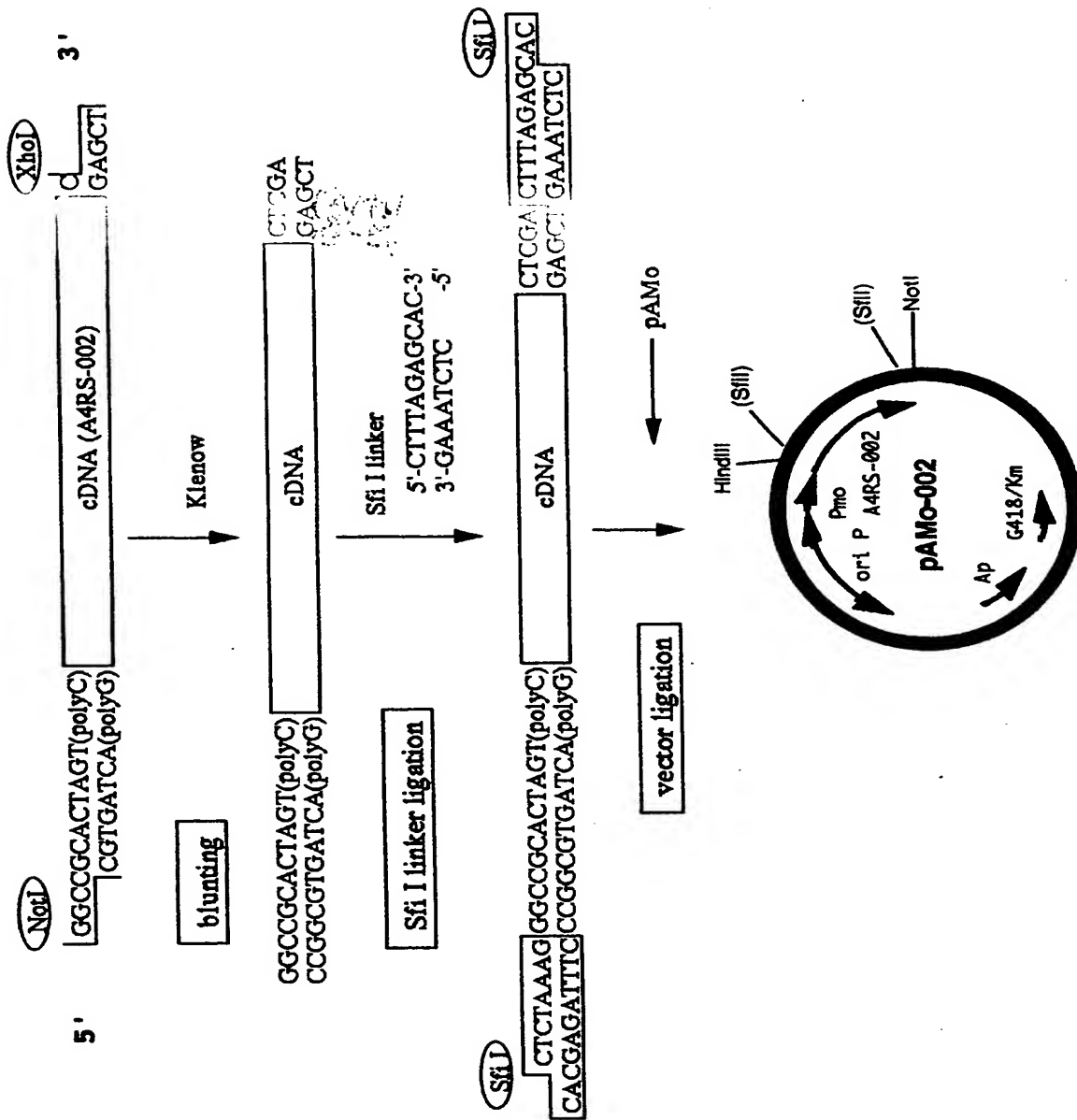
【図 3】



【図 4】



【図 5】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 血管内皮細胞においてずり応力刺激依存的に発現が変動する DNA を提供する。

【解決手段】 この発明は、新規のずり応力応答性 DNA、その DNA によってコードされる蛋白質、この蛋白質に対する抗体、ずり応力応答性 DNA または蛋白質を検出する方法、ならびに、動脈硬化を原因とする血管病の治療薬および診断薬に関する。

【選択図】 なし

認定・付加情報

特許出願の番号	平成11年 特許願 第280976号
受付番号	59900961964
書類名	特許願
担当官	寺内 文男 7068
作成日	平成12年 2月16日

<認定情報・付加情報>

【特許出願人】	申請人
【識別番号】	000001029
【住所又は居所】	東京都千代田区大手町1丁目6番1号
【氏名又は名称】	協和醗酵工業株式会社
【特許出願人】	
【識別番号】	599139028
【住所又は居所】	大阪府豊中市西緑丘一丁目4-27-123
【氏名又は名称】	野島 博

次頁無

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号

1199129028

1. 変更年月日	1999年10月 1日
[変更理由]	新規登録
住 所	大阪府豊中市西緑丘一丁目4-27-123
氏 名	野島 博

